Préface de
Didier Guillaume

Coordonné par
Christian Huyghe
Bruno Desprez
Vincent Laudinat

LA BETTERAVE SUCRIÈRE

L'innovation compétitive

éditions Quæ

Coordonné par :
Christian Huyghe
Bruno Desprez
Vincent Laudinat

LA BETTERAVE SUCRIÈRE



Éditions Quæ

Éditions Quæ
RD 10
78026 Versailles Cedex, France
www.quae.com

ISBN (papier) : 978-2-7592-3157-7
ISBN (PDF) : 978-2-7592-3158-4
ISBN (ePub) : 978-2-7592-3159-1

SOMMAIRE

Du matériel génétique nouveau

Un programme ouvert

Préface

La betterave sucrière est une filière indispensable de l'agriculture et de l'industrie agroalimentaire française. Localisée dans les plaines fertiles où elle contribue à maintenir une diversité des productions, cette filière se transforme pour répondre aux enjeux économiques et environnementaux.

La filière a misé sur l'innovation pour optimiser la production et la transformation, en exploitant au maximum les économies d'échelle, avec l'objectif de maintenir des usines au cœur des zones de production.

L'innovation porte ses fruits. Sur une décennie, l'amélioration des rendements s'est réalisée tout en diminuant son impact environnemental, avec une forte réduction de la fertilisation azotée.

Les progrès en agroéquipements y sont aussi remarquables. C'est bien sûr le cas pour les machines de récolte, pour le développement du désherbage mécanique, avec guidage laser et bientôt la reconnaissance d'adventices, qui pourra à court terme irriguer les autres productions.

Mais, plus que tout, le progrès génétique a été absolument considérable, pour cette espèce à domestication récente.

Le programme AKER, retenu en 2012 dans le cadre du Programme d'investissements d'avenir Biotechnologies-bioressources, a particulièrement contribué à ces innovations. Les nouvelles variétés qui émanent de ce programme, plus productives et plus résistantes aux maladies, offrent de grandes perspectives à l'ensemble de la filière. En mobilisant des technologies de génotypage et de phénotypage à haut débit, et en explorant la diversité génétique, le programme AKER a contribué et contribue à la reconnaissance du rôle de la biodiversité, qui est le cœur de l'agroécologie.



L'innovation est l'un des piliers de la transition agroécologique de notre pays. Le programme AKER rappelle aussi que l'innovation et cette transition reposent sur notre capacité d'action collective. Il a associé une entreprise française particulièrement dynamique et créative, des équipes d'INRAE, des universités et grandes écoles, et un institut technique agricole, qui constitue une exception française en matière d'innovation permettant d'accélérer le progrès et son adoption.

Ainsi, le programme AKER a été lui aussi emblématique de ce que le partenariat public-privé de recherche permet de produire au service d'une agriculture et d'une industrie agroalimentaire économiquement performantes et respectueuses de l'environnement.

Didier Guillaume
Ministre de l'Agriculture et de l'Alimentation





Contexte





La première sucrerie de betterave en Silésie construite par Frédéric-Charles Achard.

Petite histoire de la sélection de la betterave

La betterave à sucre (*Beta vulgaris* L.) est apparue en Silésie, à Cunern en 1802, grâce aux travaux de Frédéric-Charles Achard. Elle est la première plante à avoir été sélectionnée systématiquement car la betterave présente un cycle de reproduction bisannuel (une année en végétation, une année en production de graines), ce qui la rend difficile à reproduire par l'agriculteur.

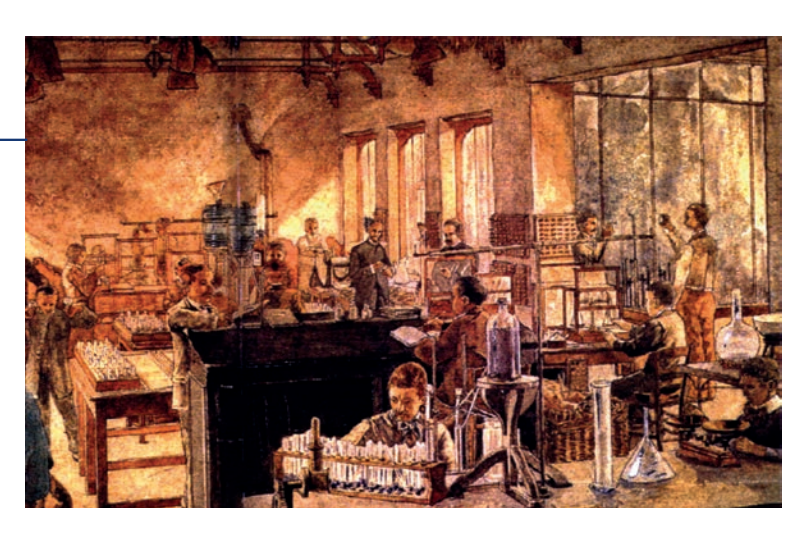
En 1806, lors du Blocus continental, les mesures prises par l'empereur Napoléon 1er pour étouffer le commerce maritime des Anglais vont provoquer les premiers développements de la culture betteravière sur 30 000 ha en France afin d'y trouver une autre source d'approvisionnement en sucre que la canne. À cette époque, Benjamin Delessert industrialise le procédé de fabrication du sucre de betterave. Cet « ersatz » du sucre de canne importé a connu, depuis lors, un essor considérable, non seulement en France mais dans de nombreuses régions du monde.

Les méthodes de sélection ont évolué au cours du temps. Bien avant l'arrivée de Gregor Mendel, la sélection massale (on garde les meilleurs individus) était devenue sélection généalogique (on sépare les descendances) grâce à la famille de Vilmorin au XIXe siècle. Par ailleurs, à la demande de Florimond Desprez, et sous l'impulsion de Louis Pasteur et Charles Viollette, tous deux successivement doyens de la faculté des sciences de Lille, le dosage du sucre par densité a laissé place à la méthode chimique par réduction des sels de cuivre.



Napoléon, initiateur de la betterave et protecteur de l'industrie (Musée des Beaux-Arts de Lille).





Le laboratoire Florimond Desprez à ses débuts (aquarelle peinte en 1893).

La découverte par V.F. Savitsky en 1948 de betteraves monogermes d'une part, et la description par F.V. Owen en 1952 de la stérilité mâle cytoplasmique de la plante d'autre part, ont offert aux sélectionneurs la possibilité de produire des hybrides monogermes. Ces derniers ont permis d'effectuer des semis réguliers et de mécaniser la culture de la betterave en s'affranchissant de la main-d'œuvre qui était nécessaire au démariage, indispensable pour les betteraves multigermes.

QUE SIGNIFIE AKER ?

Aker est un dieu égyptien représenté par deux lions dos à dos, l'un regardant le soleil se lever (dans notre contexte, les ressources génétiques) et l'autre regardant le soleil se coucher (dans notre contexte, le matériel élite). Aker est le « saint Christophe » des dieux égyptiens, transportant d'un monde à l'autre sur son dos le soleil qui, selon les croyances anciennes, s'enfonçait à l'ouest dans la terre. La symbolique des deux lions peut également être associée au partenariat entre le Public et le Privé, et la phonétique du nom AKER sonne comme *Hacker*, celui qui casse le code (génétique).
Le visuel de la betterave vient se positionner entre les deux lions, dont les feuilles s'enchevêtrent dans les crinières. Il rappelle qu'AKER est un programme de recherche pour l'amélioration de la compétitivité de la betterave sucrière, dont l'échéance est inscrite dans la signature « Betterave 2020 ».



L'amélioration de la betterave retrace bien l'amélioration des plantes cultivées, à laquelle l'entreprise de sélection Florimond Desprez contribue depuis cinq générations. Aujourd'hui, avec le génotypage et le phénotypage haut débit, avec le séquençage et le marquage moléculaire, avec la bio-informatique et la sélection génomique, ainsi que l'exploration systématique de la diversité génétique au sein des betteraves cultivées et des genres *Beta* utilisables en croisement… le programme AKER apporte sa pierre à l'édifice de cette construction toujours en évolution.

Les objectifs du programme AKER

À son lancement, en 2012, le programme AKER correspondait au souhait de remettre la betterave au centre du terrain de jeu des grandes cultures ; à la volonté d'en refaire un des supports scientifiques de la recherche agronomique ; à l'opportunité de s'inscrire dans les Programmes d'investissements d'avenir et de bénéficier de la dynamique du « Grand emprunt » lancé par les pouvoirs publics de l'époque.

Deux volets

Le premier volet du programme AKER se propose d'identifier la diversité génétique, de constituer une collection de référence allélique et d'opérer des croisements avec du matériel élite (matériel aux performances agronomiques correspondant aux attentes du marché), de manière à élargir la diversité génétique exploitable, à accélérer le progrès génétique et à obtenir de nouvelles variétés à haut potentiel.

Concomitamment, le second volet consiste, de manière originale, à valoriser toute la diversité acquise, à la contrôler et à l'évaluer par de nouvelles méthodes de phénotypage et de génotypage basées sur les outils à haut débit.

Quatre étapes

Sur le plan du matériel biologique, le programme AKER s'est déployé en quatre étapes et ouvre dorénavant sur la production de variétés améliorées, inscriptibles au Catalogue officiel des variétés et cultivables :

- la première étape (2012 et 2013) a consisté à identifier seize plantes de référence à partir de 10 000 ressources génétiques collectées et résumant la diversité disponible pour tous les allèles fréquents ;
- la deuxième étape (2013 à 2016) a mis en œuvre les croisements de la collection de référence avec du matériel élite pour obtenir des populations-sources variables ;

• la troisième étape (2017) s'est attachée à l'obtention et à la multiplication de ces populations-sources ;
• la quatrième étape (2018 et 2019) a consisté à évaluer et analyser les populations-sources en prenant en compte l'effet année et l'effet lieu ;
• enfin, le programme AKER a abouti à la sélection de nouvelles variétés et aux nouvelles connaissances associées, à partir de 2020.

QUELLE EST L'EFFICACITÉ DES PROGRAMMES D'INVESTISSEMENTS D'AVENIR ?

« L'action "Biotechnologies-bioressources" du Programme d'investissements d'avenir, initiée en 2011, a financé neuf grands projets, sur des cultures d'intérêt économique majeur pour notre agriculture et notre pays. Ces projets ont permis avant tout d'améliorer la connaissance de ces espèces à travers l'exploration de la diversité des multiples variétés, en s'appuyant notamment sur les acquis du groupement d'intérêt scientifique Génoplante. Ils ont aussi permis de consolider des partenariats public-privé, en favorisant les investissements des entreprises sur le territoire national, et de développer pour les années à venir de nouvelles variétés plus à même de répondre aux besoins des agriculteurs, des industriels et des consommateurs, ainsi qu'aux grands enjeux du changement climatique. Enfin, ces projets de long terme ont favorisé la formation d'une nouvelle génération de chercheurs, à travers l'implication de nombreux doctorants et post-doctorants. »

Guillaume Boudy, secrétaire général du SGPI
(Secrétariat général pour l'investissement)

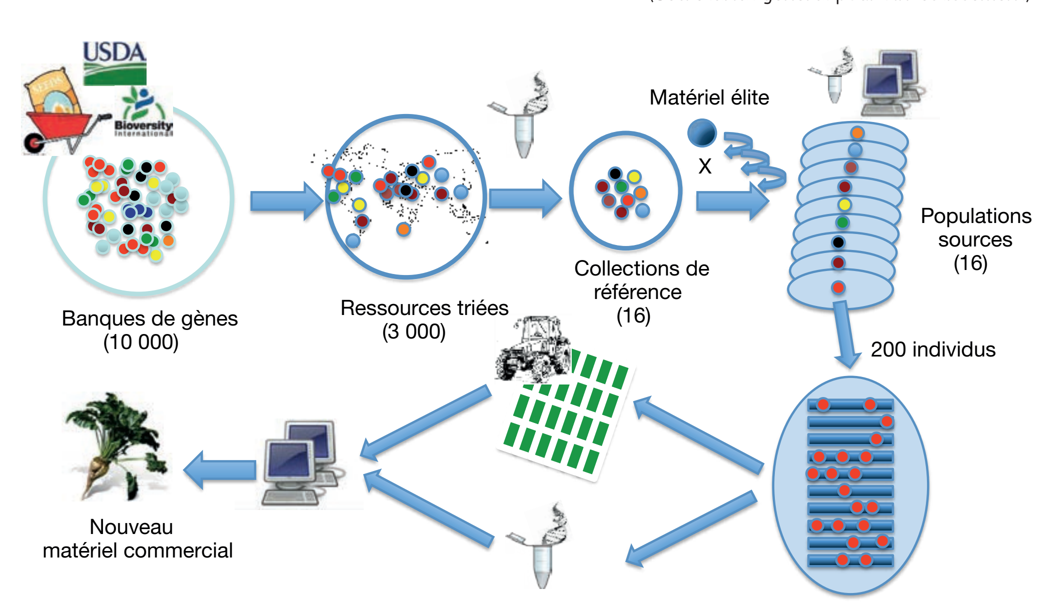


Schéma général du programme AKER, conçu à l'origine du projet.

AKER en bref

AKER vise à améliorer la compétitivité de la betterave à l'horizon 2020 en doublant le rythme de croissance annuelle de son rendement en sucre par hectare.

AKER s'inscrit dans les Programmes d'investissements d'avenir ; il est porté par onze partenaires publics et privés représentant l'ensemble de la filière betterave française.

AKER est un programme original et innovant qui concerne à la fois la recherche, le développement et la formation ; il confirme la betterave comme plante et filière de référence.

AKER, c'est aussi :

- 16 plantes de référence ;
- 40 millions de données moléculaires ;
- 8 km de cages d'hybridation ;
- 3 000 hybrides sélectionnés ;
- 63 000 parcelles de phénotypage au champ ;
- 11 partenaires ;
- 100 collaborateurs (dont 60 chercheurs) ;
- 18,5 M€ de budget (dont 5 M€ d'aides de l'État).

Pour aller plus loin…

Le programme AKER a mis en évidence la totalité de la diversité génétique de la betterave sur la base de seize plantes de référence.

Il développe une nouvelle approche de la sélection qui place le génotypage (analyse de la composition génétique) avant le phénotypage (évaluation des caractères).

Il utilise une nouvelle méthode de sélection (génomique) qui s'appuie sur l'ADN des plantes et de nouvelles techniques de sélection (marquage, lecture du génome).

Il gère un grand nombre de données (par bio-informatique) pour faire de la prédiction.

Il utilise des technologies (imagerie, robotique) en provenance d'autres secteurs de recherche (physique, médecine).

Il s'intéresse au rendement en sucre de la betterave, mais aussi à toutes ses composantes, y compris à la résistance aux maladies et à la valorisation de l'azote, dans le respect de l'environnement.

AKER est à la fois un programme de recherche, de développement et de formation. Il contribue à assurer le renouvellement générationnel des chercheurs.

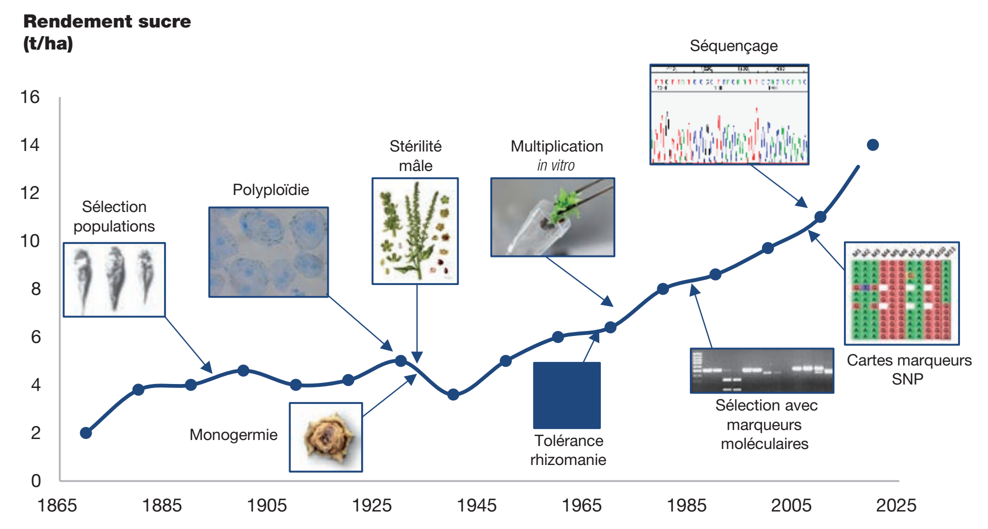
QUEL EST L'INTÉRÊT DU PROGRAMME AKER POUR INRAE ?

« Au moment où le programme AKER a été lancé, l'Inra, devenu aujourd'hui INRAE, n'avait pas de programme dédié à la betterave sucrière. Et pourtant les contributions de laboratoires et d'équipes de notre établissement ont été très importantes, qu'il s'agisse des travaux en génomique et bio-informatique à Évry et Toulouse, des développements en phénotypage à haut débit à Montpellier en interaction avec l'unité mixte technologique Capte à Avignon, ou encore des travaux sur les semences et les plantules à l'Inra d'Angers et au Geves. Les connaissances scientifiques ont progressé, comme en attestent les nombreuses publications de ces équipes.
Mais, au-delà de la science, le programme AKER a démontré la capacité que nous avions à mettre en œuvre, sur une espèce nouvelle, l'ensemble des ressources, méthodes et connaissances développées au sein de l'Institut. Cela élargit considérablement le champ d'impact des travaux de recherche conduits au sein d'INRAE et l'étendue des partenariats. Les avancées cognitives, la qualité du matériel génétique créé dans le cadre d'AKER et les partenariats avec la société Florimond Desprez, l'Institut technique de la betterave, les universités de Lille et d'Angers ou Agrocampus Ouest en sont des démonstrations remarquables. »

Philippe Mauguin, P-DG d'INRAE

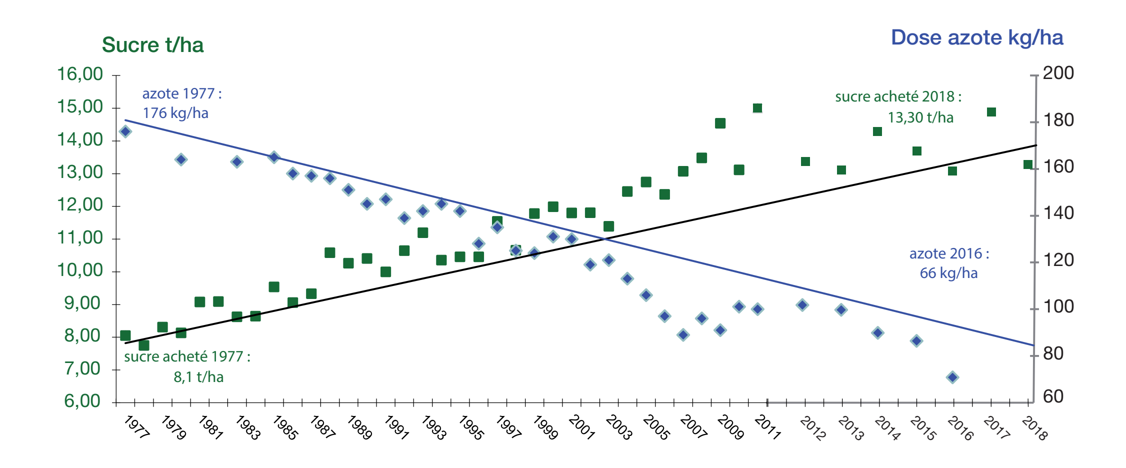
La betterave aujourd'hui

La betterave est une plante cultivée apparue au début du XIXe siècle, dopée par le Blocus continental. Depuis, le rendement et la qualité n'ont cessé de progresser, tandis que les différents intrants nécessaires à la culture baissent au fil du temps.



Évolution du rendement de la betterave au regard des évolutions techniques (tonnes de sucre/ha).





Évolution des apports minéraux azotés (kg/ha) et du rendement en sucre (t/ha).
Sources : CGB, 1977-1996 ; ITB, 1997-2018.

Les rendements en sucre de la betterave ont été multipliés par plus de vingt en France. Ils sont passés de 700 kg/ha de sucre brut, avec une teneur en sucre de 7 % à l'origine de la culture, à 14 800 kg/ha de sucre blanc avec une teneur en sucre de 18 % dans les meilleures années récentes. Il faut aussi mentionner les améliorations au niveau du processus industriel sucrier, qui ont permis à terme l'extraction d'un sucre de qualité bien supérieure. Enfin, la consommation énergétique à la tonne de betterave a été divisée par deux en 40 ans.

Mais le progrès génétique ne se mesure pas à la « simple » productivité en sucre. Le bilan environnemental de la betterave est devenu particulièrement remarquable. Depuis 1983, on a observé une baisse de 50 % des quantités de produits phytosanitaires utilisés (fongicides, insecticides, herbicides), une part de cette baisse étant liée à l'évolution des matières actives à la fin des années 1990. La tendance se poursuit avec un investissement fort des betteraviers vers des modes de culture raisonnés. Depuis 40 ans, la quantité d'azote apportée à la betterave a baissé de 68 % par tonne de sucre produite. Tous ces progrès résultent d'une amélioration interdépendante des techniques culturales, des agroéquipements et de la sélection variétale.

Ce qui a changé depuis le lancement d'AKER

Depuis le lancement du programme AKER en 2012, la filière betteravière a connu des transformations majeures en s'inscrivant dans une démarche de progrès continu tant en termes de productivité que d'efficiences économique et environnementale.

Ces modifications touchent l'ensemble de la chaîne de production, de la graine de betterave à la commercialisation du sucre, en passant par la culture et la transformation en sucre et en alcool. Elles ont un impact direct sur l'économie de la filière et ses pratiques agricoles.

La fin des quotas européens

La première de ces transformations, et certainement la plus importante pour l'organisation de la filière, est la fin des quotas sucriers. Le 1er octobre 2017, le système qui règlementait le secteur sucrier européen a pris fin. Les quantités produites ne sont désormais plus encadrées et la libéralisation du marché permet à chaque acteur de la filière de produire autant de sucre qu'il le désire, en vue, entre autres, de l'exporter.

Ainsi, dès la campagne suivante, alors même que les pays tiers continuaient d'accroître leurs volumes dans des proportions inédites, la production européenne de sucre a augmenté. Très rapidement, la production et les stocks de sucre mondiaux ont été confrontés à des excédents provoquant un effondrement des cours. Ceux-ci se sont alors établis à leur plus bas niveau depuis dix ans, engendrant une perte de rentabilité pour le secteur et se traduisant par des décisions de réorganisation, des restructurations, des fermetures d'usines et un ajustement de la rémunération des planteurs de betterave.

Le binage des betteraves est une alternative au désherbage chimique.





Robot
de désherbage
des betteraves.

Des demandes sociétales plus exigeantes

À ces problématiques économiques s'ajoutent les demandes sociétales qui, elles aussi, se sont affirmées durant ces dernières années. Les consommateurs réclament une agriculture ayant moins, voire pas du tout, recours à l'usage des produits phytosanitaires et limitant aussi fortement que possible son impact sur la qualité du milieu et la biodiversité. Ces attentes se traduisent par un contrôle réglementaire de plus en plus marqué des productions agricoles. Un exemple récent en est l'usage des néonicotinoïdes en France, insecticides qui étaient utilisés en enrobage de semences pour lutter contre les pucerons verts vecteurs de la jaunisse. En 2019, leur utilisation a été totalement interdite sur le territoire alors même que la filière ne disposait pas de solutions alternatives aussi efficaces et préservant la faune auxiliaire. On notera que cet enrobage avec des néonicotinoïdes a dû être remplacé par des pulvérisations aériennes d'insecticides pouvant être moins sélectifs et beaucoup plus onéreux pour la filière. Sous cette même pression et dans le même temps, les possibilités d'amélioration de la productivité au travers de nouvelles techniques d'édition génomique (NBT) n'ont pas été autorisées en Europe, contrairement au reste du monde.

Dans ce contexte sans précédent, le programme AKER a pour ambition de mettre à disposition des agriculteurs des variétés de betterave sucrière qui concilieront attentes sociétales, environnementales, productivité et rentabilité, en s'appropriant l'ensemble des progrès technologiques actuels et parfois peu développés en 2012 (génomique, drones d'observation, traitement de l'image, phénotypage rapide, etc.).

COMMENT SAUVER LA BETTERAVE EN FRANCE ?

« La filière betteravière française est chahutée depuis quelques années. Pour s'adapter à son nouvel environnement, elle doit gagner en compétitivité tout en améliorant son empreinte écologique. Les enjeux sont multiples, l'ITB met son expertise au service du programme AKER. Il s'agit d'accroître la productivité de la betterave, mais aussi de diminuer ses coûts de production et de limiter l'usage des intrants. La mise sur le marché de nouvelles variétés à haut potentiel de rendement ou résistantes aux bioagresseurs fait partie des solutions qui permettront d'atteindre ces objectifs. »

Alexandre Quillet, président de l'ITB (Institut technique de la betterave)

L'économie sucrière internationale

Si la consommation de sucre est mature en Europe, la consommation mondiale progresse de 1,2 à 1,5 % par an. D'ici à 2030, le monde aura besoin de 30 Mt de sucre supplémentaires : l'équivalent de la production actuelle du Brésil ou de l'Inde. La France a un rôle à jouer sur les marchés européens et internationaux.

Montée en puissance de la canne

La concurrence représentée par la production de sucre de canne s'est renforcée au fil du temps. Portée par les pays émergents, notamment le Brésil, la canne approvisionne aujourd'hui près de 78 % de la production mondiale de sucre contre 74 % en 2005-2006, même si cette progression relative provient de l'augmentation en valeur absolue du marché.

La filière française s'est préparée de longue date pour relever les défis imposés par la montée en puissance de la canne à sucre. Elle possède un potentiel de production très élevé, qui était bridé par les différents règlements sucriers européens successifs. En effet, les superficies emblavées en betterave pourraient être augmentées, l'outil industriel pourrait être redéployé, ce que d'autres pays européens lui envient.

En réalité, la France produit autant de sucre que par le passé, mais avec toujours moins de surface. Elle libère de l'ordre de 2 % de surface par an, l'équivalent de l'augmentation de son rendement en sucre. À l'inverse, les pays émergents, producteurs de canne, ont besoin de plus en plus de surface pour produire, faute de progrès génétique chez cette espèce, ce qui peut les inciter à la déforestation. Ils peuvent être limités par des questions de logistique lorsque les zones de production sont de plus en plus éloignées des zones de consommation ou des infrastructures portuaires.

Capacité de la France sur les marchés

Avec la fin des quotas en 2017, la France a retrouvé sa capacité à approvisionner des bassins déficitaires en sucre en Europe, au Moyen-Orient et en Afrique de l'Ouest. La première campagne sans quota a permis à la filière betteravière de dégager un excédent commercial de 1,2 à 1,4 milliard d'euros.

La France est ainsi le premier fournisseur européen de sucre, que ce soit en Espagne où 40 % du sucre consommé sont d'origine française, mais également en Italie et au Royaume-Uni. Sur ces territoires, elle doit concurrencer le sucre importé des pays tiers, sous forme de blanc ou de roux à des fins de raffinage.

Or, durant ces dernières années, les modalités d'importation de sucre sur le territoire de l'Union européenne ont été considérablement assouplies : pas de limite pour les importations des pays les plus pauvres (ACP/PMA – Afrique, Caraïbes, Pacifique / pays les moins avancés) et instauration de contingents, à droits réduits ou nuls, pour plus de 1,5 Mt de sucre par an. Ainsi 20 % du sucre consommé en Europe ont été importés lors de la dernière année sous quota.

POURQUOI, EN TANT QU'INDUSTRIEL, UTILISER DU SUCRE DE BETTERAVE ?

« Chez Ferrero, nous utilisons du sucre de betterave depuis très longtemps en raison de ses caractéristiques technologiques, mais surtout parce que c'est l'ingrédient idéal pour satisfaire la fabrication de nos produits de gourmandise. Rien ne peut s'y substituer et les alternatives ne le remplaceront pas si nous voulons maintenir l'exigence de qualité et de sécurité de nos recettes. Le sucre de betterave a toute son utilité et il est disponible à proximité de nos usines. D'ailleurs, 100 % du sucre que nous utilisons pour la fabrication de nos deux produits, Nutella et Kinder Bueno, est français ! »

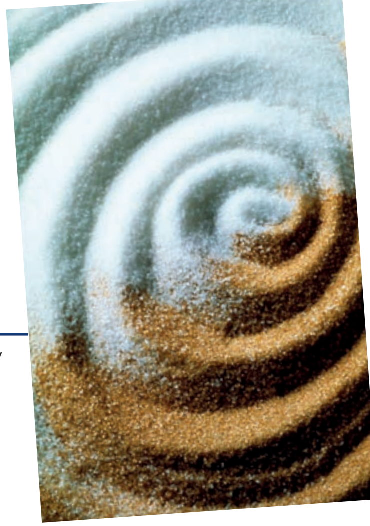
Joane Husson, Ferrero, directrice affaires publiques, communication corporate & RSE



La betterave sucrière bénéficie d'un potentiel de production élevé.

Renforcer la compétitivité

Pour préserver ses parts de marché en Europe, la France doit donc être continuellement plus compétitive. De même, lorsqu'elle exporte sur pays tiers, elle doit faire face à des concurrents dont les coûts de production sont souvent bien moindres, en raison de normes sanitaires, environnementales ou sociales très différentes, et encore accentués par les instabilités monétaires.



Sucre blanc / sucre roux, dans la spirale de la concurrence.

Pour autant, dans cet environnement porteur sur le long terme, les impératifs visant à s'adapter au changement climatique, à réduire les intrants ou à économiser l'énergie et l'eau revêtent une urgence dont la filière betterave a pleinement conscience.

Le programme AKER vise ainsi à tirer au mieux parti de la betterave afin de :

- permettre à la France de prendre sa part dans la hausse de la demande mondiale, et de contribuer à l'excédent commercial agroalimentaire français ;
- permettre à la filière d'accompagner la demande en bioéthanol (+ 11 % en France sur la seule année 2018), plus propre et moins cher, plébiscité par le consommateur ;



- faire face aux défis environnementaux, de réduction des intrants et d'adaptation au changement climatique.

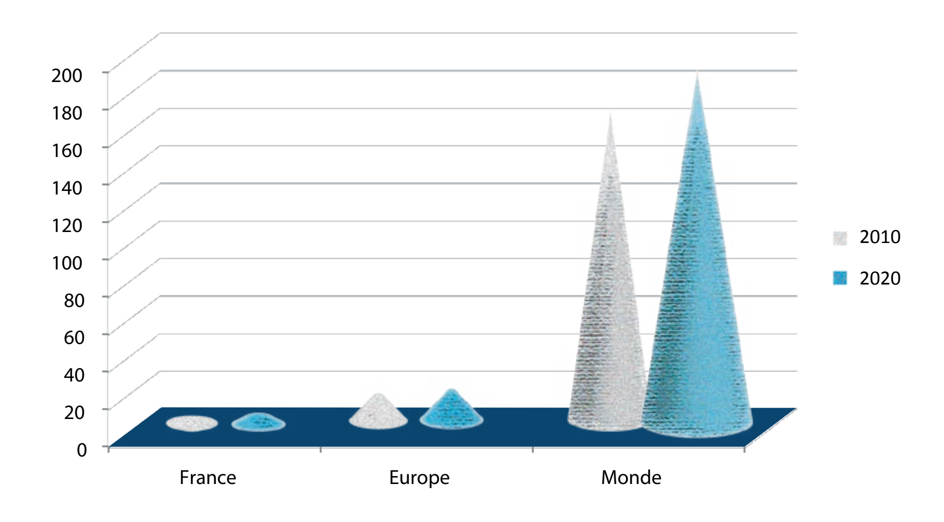
La filière betterave française ne peut rester immobile, et le programme AKER va lui permettre de dépasser sa progression actuelle de 2 % du rendement annuel pour concurrencer sans attendre la canne à sucre et offrir une marge de manœuvre à l'agriculteur betteravier tout comme à l'industriel sucrier.

BETTERAVE *VERSUS* CANNE

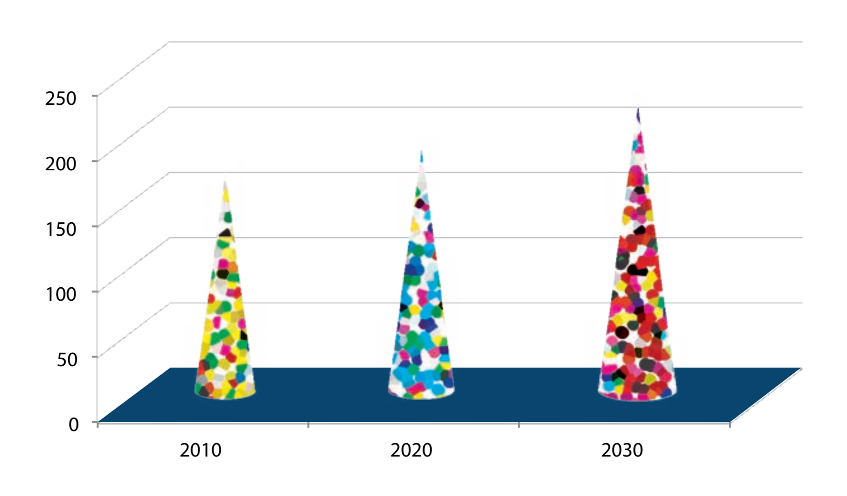
David contre Goliath ? La betterave a pourtant des atouts face à la canne à sucre. Elle consomme deux fois moins d'eau (650 / 1 250 mm par an selon la FAO), occupe le sol deux fois moins longtemps et contribue à la biodiversité dans la rotation agronomique. La vitesse de progrès du rendement en sucre est de 2 % par an contre 0,5 % pour la canne. La betterave est cultivée pour assurer une production et une consommation locales de sucre. Son rendement en sucre (de l'ordre de 14 tonnes/ha) est supérieur à celui de la canne ; elle peut produire par ailleurs 9 000 litres de bioéthanol à l'hectare (contre 5 à 8 000 litres pour la canne) — soit 4,6 tonnes équivalent pétrole (tep). Ramenée à la surface et exprimée en équivalent-énergie, la production cumulée de sucre et/ou de bioéthanol (tenant compte de la bagasse de la canne, elle aussi exploitée pour l'énergie) est supérieure pour la betterave. Cependant, son coût de production reste à l'heure actuelle plus élevé, notamment en raison du coût de la main-d'œuvre.



La canne à sucre est aujourd'hui dominante dans l'approvisionnement mondial en sucre.



Évolution de la production de sucre, 2010-2020, en millions de tonnes. Source : FoLicht.



Évolution de la consommation mondiale de sucre, 2010-2020-2030, en millions de tonnes. Source : FoLicht.

LES OBLIGATIONS DU PROGRAMME AKER VIS-À-VIS DE L'ANR SONT-ELLES REMPLIES ?



À la suite de Tania Langon, et avant Gaël Laporte, Jetta Keranen (société Ayming) a été gestionnaire du programme AKER. Elle tire un bilan vis-à-vis de l'Agence nationale de la recherche (ANR).

« Le programme AKER satisfait pleinement les obligations et critères spécifiques de performance établis par l'ANR pour les projets financés dans le cadre des Programmes d'investissements d'avenir (PIA). Ainsi, le budget de 18,5 M€ (dont 5 M€ d'aides publiques) a été respecté et maîtrisé, avec une part infime de réallocation en cours de programme. Conformément aux hypothèses de départ, 60 % du budget ont été consacrés aux actions de phénotypage. Le bilan des moyens humains est très positif, le programme a mobilisé une centaine de collaborateurs de divers horizons, directeurs de laboratoires, chercheurs scientifiques, industriels, post-doctorants, thésards ou apprentis. Un véritable esprit d'équipe s'est instauré notamment à l'occasion des comités de coordination annuels.

Le programme AKER a atteint les objectifs planifiés moyennant quelques réorientations mineures. 100 % des actions, tâches, jalons et livrables importants ont été réalisés. En réalité, il a permis de mener davantage d'actions que prévu, à moyens constants, car le haut débit a offert la possibilité de doubler l'expérimentation au champ. De ce fait, il a produit des résultats plus robustes, gages de solidité scientifique.

Au total, sur la durée du programme, environ 30 publications scientifiques et 150 communications ont été réalisées. Des sessions de formation des étudiants ont été programmées chaque année, en relation avec Agrocampus Ouest et l'université de Lille. Des résultats ont été valorisés également au niveau industriel. L'innovation développée grâce au programme AKER se retrouve non seulement dans les résultats, mais encore dans la méthodologie.

Une collaboration s'est nouée avec les autres PIA *via* le groupement d'intérêt scientifique BV « Biotechnologies vertes ». De nombreux axes de travail pourront se concrétiser dans d'autres projets collaboratifs, dans le domaine de la recherche fondamentale ou appliquée.

Enfin, une des vraies réussites du programme AKER réside dans sa capacité à apporter des éléments nouveaux à la collectivité en termes de développement technologique, de partenariat public/privé, de collaborations dans la durée. »





Outils et méthodes de génotypage

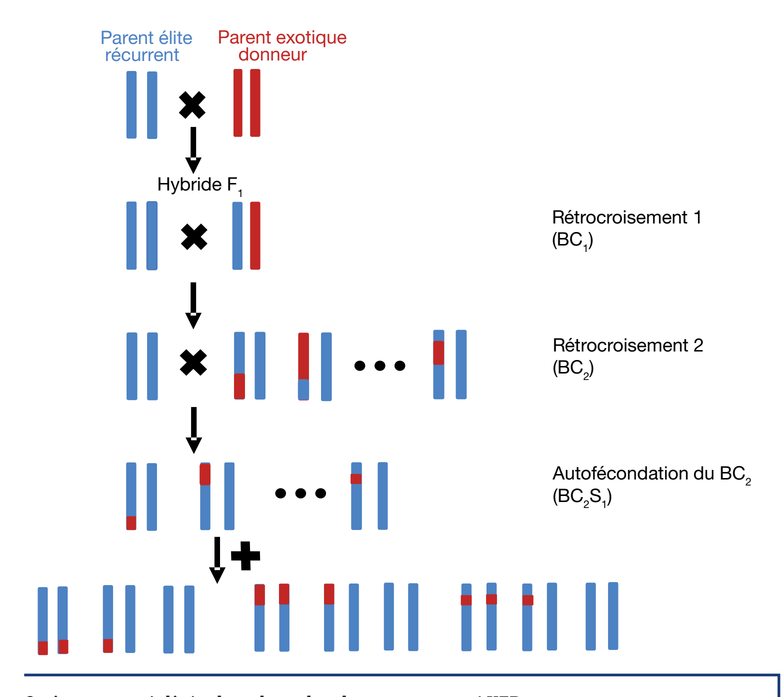


Séquençage et marquage moléculaire

L'objectif du programme AKER est d'éclater tout le génome de chaque accession exotique dans celui du matériel élite. Le marquage moléculaire permet de repérer des fragments de chromosomes de chaque accession, mais sans savoir *a priori* quels effets ils produiront. Le phénotypage réalisé en fin de programme a justement permis de le savoir.

Séquençage

Le génome de la betterave comprend environ 760 millions de paires de bases. Au cours du programme AKER, celui des seize plantes de référence et du matériel élite a été séquencé, c'est-à-dire que le code génétique constitué par les quatre bases (A, T, G, C) de l'ADN des chromosomes a été lu. Puis les seize plantes exotiques sélectionnées et la lignée élite ont subi différents croisements successifs : hybrides F_1 – première génération (F = *filial generation*), rétrocroisements BC_1 et BC_2 (BC = *back-cross*), autofécondations de la BC_2 (BC_2S_1) voire de la BC_2S_1 (BC_2S_2) (S = *selfing*). Toutes ces plantes ont été elles-mêmes génotypées avec des marqueurs moléculaires judicieusement choisis.



Croisements réalisés dans le cadre du programme AKER.



Exemple de séquençage des accessions.

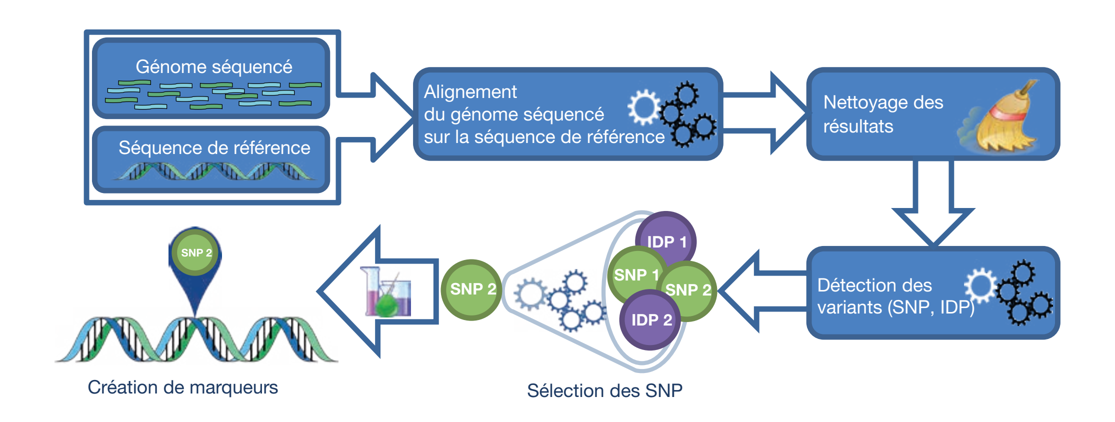
Après une coupure en petits fragments de leur ADN, des millions de lectures (*reads*, en anglais) de 100 bases de longueur et dans les deux sens de lecture (*forward* et *reverse*) ont été réalisées pour chacune des seize plantes aussi appelées accessions. On a ainsi obtenu pour chaque accession une bibliothèque de courtes séquences de son génome. On pourrait les comparer à des sacs contenant les pièces d'un puzzle qu'il faut assembler pour obtenir la séquence de l'ADN de ces accessions. L'image de fond du puzzle qui permet de les ordonner est une séquence de référence qui avait été obtenue préalablement dans un projet ayant pour origine la société SESVanderhave, filiale du groupe Florimond Desprez, et le programme allemand Gabi. Il s'agissait donc de partir de cette séquence de référence et d'aligner dessus les lectures de l'élite et des seize accessions. On a alors identifié des différences entre la séquence de l'élite et celle des différentes accessions alignées sur la référence et défini des marqueurs moléculaires entre l'élite et les accessions.

Marquage moléculaire

La plupart des marqueurs moléculaires consistent en des amorces de l'ordre de 20 bases complémentaires de l'ADN-cible. Cet ADN est alors amplifié en un grand nombre de copies par la réaction de polymérisation en chaîne

(*Polymerase Chain Reaction* en anglais ou PCR). Dans le programme AKER, l'objectif était d'en détecter plusieurs milliers répartis de manière homogène sur l'ensemble du génome et polymorphes entre les accessions exotiques et la lignée élite. Les chercheurs ont identifié, par analyse bio-informatique, plus de 40 millions de variations dans le code génétique du matériel d'étude, dont des SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) et des IDP (*Insertion Deletion Polymorphism*). La totalité de ces variations représente environ une pour 20 paires de bases. En d'autres termes, les 19 invariables sur 20 représentent l'information qui définit une betterave.

Au cours du programme AKER, des marqueurs SNP et DArT ont été utilisés et combinés pour sélectionner les accessions dont l'ADN aura été séquencé. Les marqueurs DArT (*Diversity Arrays Technology*) correspondent à une technologie de marquage moléculaire différente, basée sur des hybridations ADN-ADN. Celles-ci détectent la présence ou l'absence de fragments d'ADN individuels dans des représentations génomiques larges. Dans le cadre d'AKER, les DArT ont été utilisés pour capter des régions génomiques spécifiques des accessions sauvages qui échappent, en partie, à la détection par des marqueurs SNP, ceux-ci étant conçus à partir des betteraves sucrières cultivées. Après séquençage, seuls les marqueurs SNP, spécifiques et majoritaires, ont été retenus.

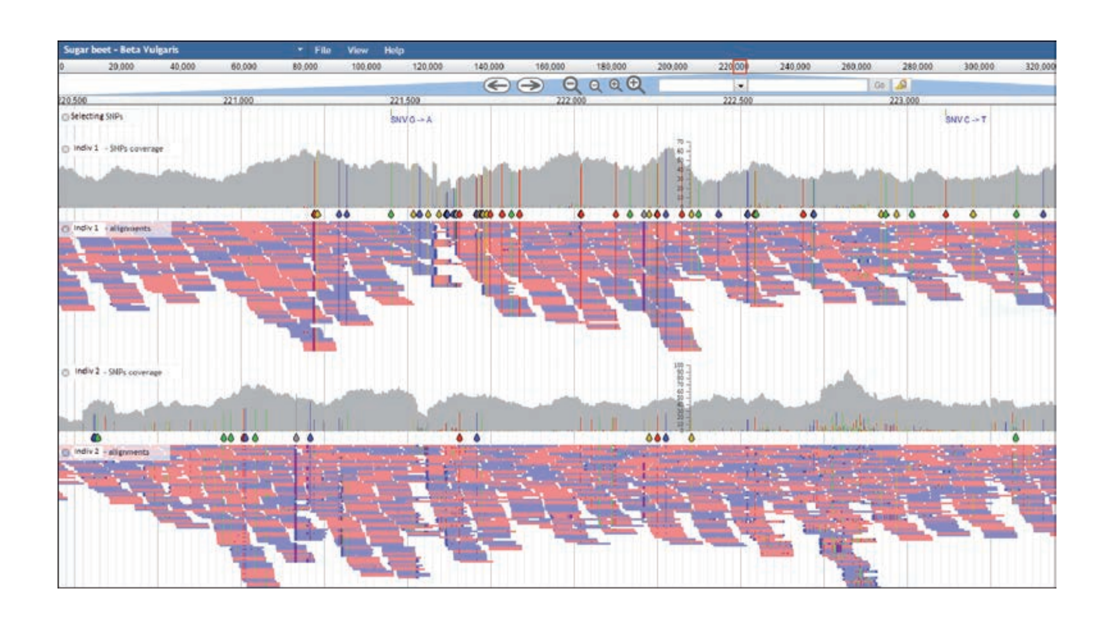


Détection et sélection des polymorphismes.

POLYMORPHISME MOLÉCULAIRE

Le polymorphisme moléculaire exprime une variation entre individus dans la séquence de leurs génomes. Ces variations peuvent être à l'origine des différences observées entre les individus d'une population, comme la forme de la racine. Ces polymorphismes correspondent soit à des SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), soit à des insertions ou à des délétions IDP (*Insertion Deletion Polymorphism*). Il faut toutefois noter que d'autres types de variations peuvent être aussi à l'origine de différences phénotypiques.

Tous ces SNP ne peuvent pas devenir des marqueurs moléculaires utilisables. Il existe en effet des contraintes biologiques qui empêchent, dans certains cas, leur détection : par exemple, leur trop grande proximité. Afin d'éviter ce type de problème, un important travail de bio-informatique a été réalisé. Cette sélection nécessite de franchir plusieurs étapes et d'utiliser des logiciels appropriés. Afin d'automatiser la procédure, Florimond Desprez a créé une chaîne d'automatisation des logiciels dans un environnement approprié



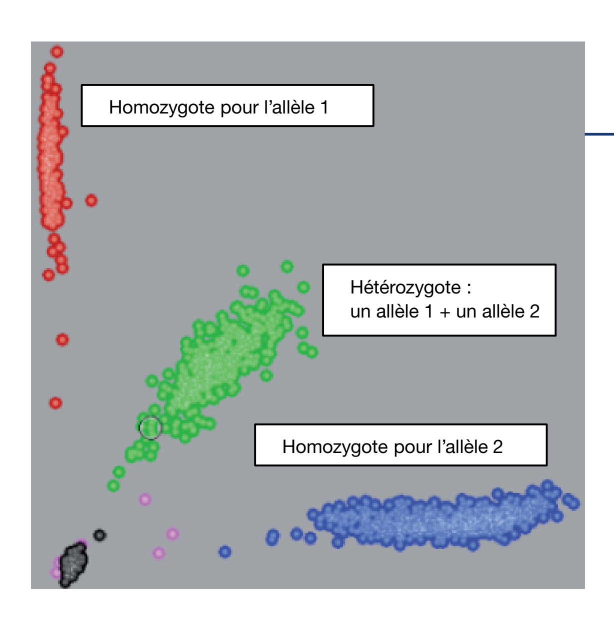
Navigateur de génome (JBrowse).

(Galaxy)[1]. Au final, 200 000 SNP fiables, robustes et reproductibles parmi les 40 millions ont franchi toutes les étapes de sélection.

Un des objectifs du programme AKER a été de générer par croisements successifs un ensemble d'individus génétiquement quasi identiques à la lignée élite. Leurs différences se sont jouées sur l'intégration de différents fragments de seize accessions exotiques (couvrant l'ensemble de leur génome) et les betteraves obtenues ont été appelées quasi élites.

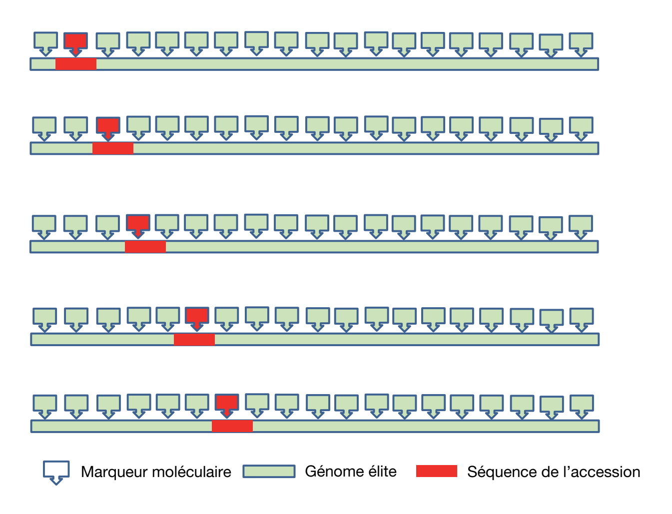
Suite au séquençage des seize accessions exotiques et de la lignée élite, la recherche de marqueurs moléculaires SNP a été engagée. Une fois choisis, ces marqueurs moléculaires permettent de suivre le résultat des croisements (rétrocroisements ou autofécondations) de manière à détecter les plantes désirées. Il faut en effet que les plantes ne soient pas redondantes mais complémentaires pour couvrir la totalité du génome exotique. Les amorces d'ADN constituant chaque marqueur ont été synthétisées chez un prestataire spécialisé. Au total, seize populations représentées par 6 500 individus chacune ont été suivies avec plus d'une centaine de marqueurs moléculaires, ce qui représente plus de 10 millions de points de marquage par génération.

En identifiant des marqueurs moléculaires utilisables dans les descendants des croisements des parents exotique/élite, on peut visualiser les différentes parties du génome des parents présentes dans chaque individu. L'analyse des



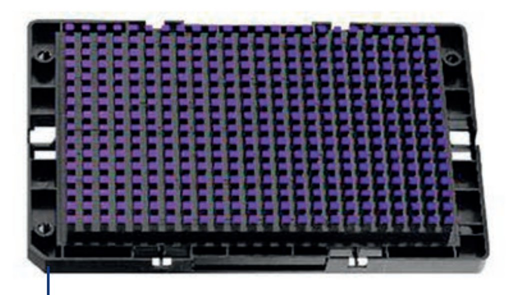
Profil de marquage SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*). Génotype SNP : les points correspondent à des individus ; les couleurs à des génotypes différents.

1 www.galaxyproject.org.



Éclatement des accessions dans le matériel élite.

variations de leur phénotype (rendement en sucre, résistance aux maladies…) et de leur génome permet de découvrir l'effet de ces fragments chromosomiques exotiques sur le phénotype des betteraves quasi élites, d'identifier des régions chromosomiques porteuses de gènes d'intérêt et enfin de générer un matériel de base original pour des programmes de sélection.



Florimond Desprez, en collaboration avec sa filiale SESVanderHave, a mis au point une puce à ADN pour la betterave intitulée Bv15FDSV. Cette petite plaque de quelques millimètres carrés a été utilisée dans le programme AKER. Elle permet de traiter, par échantillon d'ADN, 30 000 marqueurs moléculaires SNP à la fois. Elle rend plus précis et plus rapide le travail de génotypage et d'analyse des individus.

UNE HISTOIRE DE SCRIBES

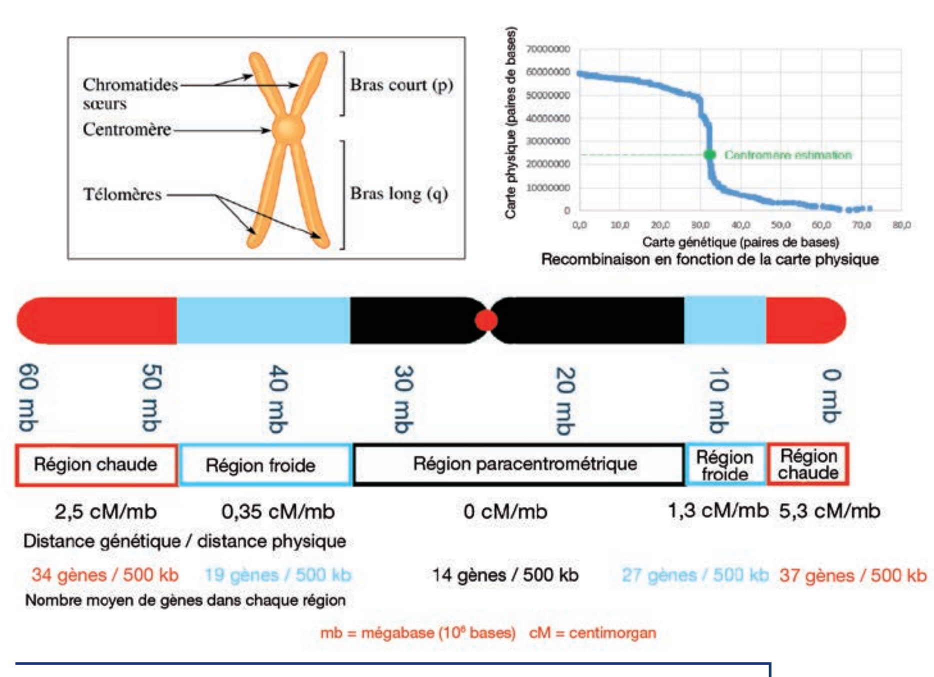
Les génomes de deux betteraves différentes sont comme deux copies d'un même livre réalisées par deux scribes différents. Chacun peut introduire dans sa copie des petites erreurs, des synonymes, des ajouts ou des omissions plus ou moins grandes. Ces différences peuvent avoir un impact plus ou moins conséquent sur l'histoire décrite dans ces livres. Elles sont repérées par des logiciels de comparaison de texte (logiciels bio-informatiques) et vont servir de points de repérage spécifiques afin de distinguer chacune des copies du livre (les marqueurs moléculaires) sans avoir besoin de lire tous les livres en entier.

CARTE PHYSIQUE ET CARTE GÉNÉTIQUE

La carte physique est une représentation du génome basée sur une distance en nombre de bases. La carte génétique est une représentation du génome basée sur une distance génétique (exprimée en centimorgans). Celle-ci reflète la probabilité que deux gènes ou deux marqueurs se transmettent ensemble ou non dans une descendance. Plus ces gènes sont proches physiquement, plus ils seront transmis ensemble ; plus ils sont éloignés, plus il y aura de possibilités de recombinaison et donc d'une transmission séparée.

Cette probabilité de recombiner ne dépend que partiellement de la distance physique, car il existe des régions à fortes recombinaisons, d'autres plus faibles. Les recombinaisons sont en général plus fréquentes au niveau des télomères (extrémités) que des centromères du chromosome. Ainsi, la correspondance entre la distance physique et la distance génétique des deux marqueurs est variable le long des chromosomes.

Ces cartes génétiques sont des outils indispensables pour mettre en relation des caractères phénotypiques et des gènes identifiés par des marqueurs. Cela suppose que les marqueurs de cette carte soient bien répartis sur le génome et permettent ainsi de suivre la transmission dans la descendance de gènes codant pour des caractères phénotypiques visibles ou mesurables.



Carte physique /carte génétique.



Pierre Devaux a accompagné les différentes étapes du schéma de sélection du programme AKER, à commencer par l'étude de la variabilité allélique, puis le séquençage et enfin le marquage moléculaire.

PIERRE DEVAUX, CONTRIBUTEUR DE BIOTECHNOLOGIES

Ingénieur Polytech-Lille et titulaire d'une thèse de doctorat d'État ès sciences naturelles, membre de l'Académie d'agriculture de France, Pierre Devaux dirige le Laboratoire de biotechnologies chez Florimond Desprez. « Ce laboratoire est une plateforme biotechnologique », explique Pierre. Il estime avoir été apporteur de technologies, d'outils, de méthodes pour le programme AKER.

« Nous avons beaucoup investi dans des outils performants, notamment des robots d'extraction, de dosage et de distribution d'ADN, des chaînes de génotypage et de lecture à haut débit, des logiciels pour la conception des marqueurs moléculaires et d'analyse, etc., de manière à exploiter un nombre de données qui n'a rien à voir avec nos programmes de recherche en routine. »

Dès le départ, les biologistes généticiens ont caractérisé du point de vue moléculaire les accessions récoltées dans le monde entier en se basant sur des acquis obtenus sur la tomate, le riz et le piment. « Pour cela, nous utilisons des marqueurs moléculaires », explique Pierre. « Nous avons recherché les accessions exotiques, au nombre de seize, représentant toute la variabilité allélique disponible et différente de celle présente chez l'élite. »

Le Laboratoire de biotechnologies a séquencé le génome des seize accessions retenues. « On a aligné les séquences des accessions sur la séquence de référence, de manière à mettre en évidence les différences et, à partir de celles-ci, définir et mettre au point de nouveaux marqueurs moléculaires. » Et Pierre de conclure : « Sélectionneurs et biologistes sont liés comme les doigts de la main dans le programme AKER. »

Traitement de l'information génomique

Le programme AKER a permis de recueillir de nombreuses données génomiques grâce aux marqueurs moléculaires. Ces données ont été exploitées et valorisées tout au long du processus de sélection des génotypes.

Déséquilibre de liaison

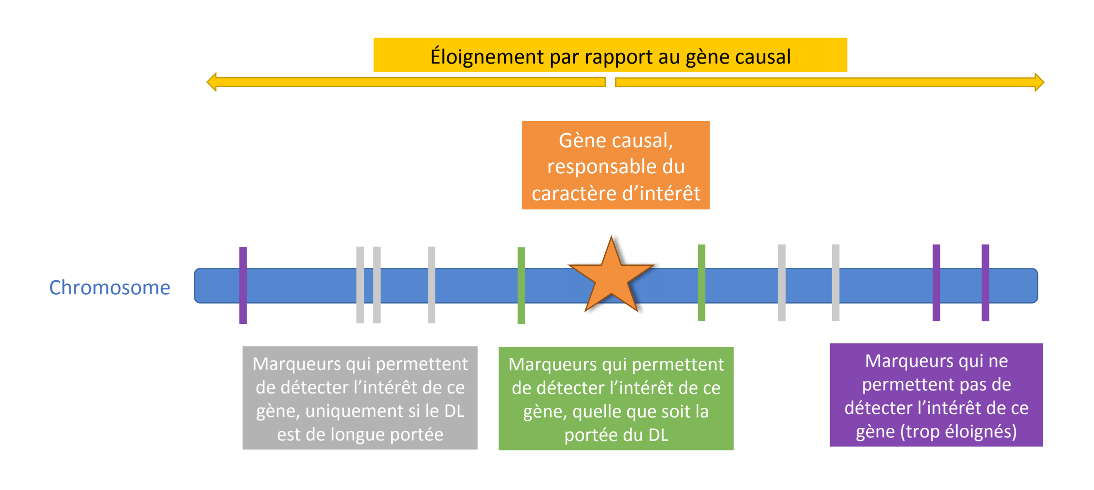
Le déséquilibre de liaison permet d'étudier la liaison entre les gènes causaux – c'est-à-dire ceux qui expliquent les différences entre les individus – et les marqueurs génétiques. Si un gène est en déséquilibre de liaison avec un marqueur, cela signifie que l'information au marqueur permettra de récupérer l'information au gène lié.



Le déséquilibre de liaison est lié à la proximité physique des marqueurs sur le génome. Si deux marqueurs sont proches physiquement, le déséquilibre entre eux est important ; s'ils sont éloignés, le déséquilibre est faible. Ces phénomènes (la liaison et la proximité physique) se conjuguent. Par conséquent, si le déséquilibre de liaison est de courte portée, les liaisons gènes/marqueurs détectées seront précises, mais il faudra beaucoup de marqueurs pour pouvoir les détecter (forte densité de marquage). En revanche, si le déséquilibre est de longue portée, il faudra moins de marqueurs, mais les liaisons détectées seront moins précises.

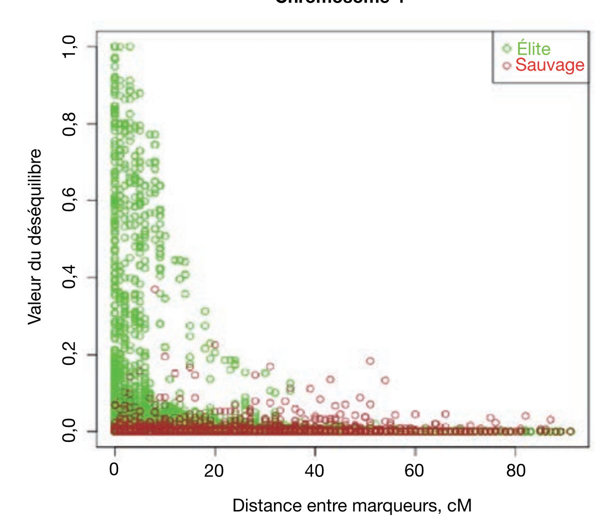
Ainsi, l'étude du déséquilibre de liaison peut permettre de déterminer la densité de marquage optimale rendant possibles des analyses pour lesquelles tous les gènes causaux doivent être en déséquilibre de liaison avec au moins un marqueur afin de pouvoir capter toute l'information. On détermine pour cela la distance maximale entre deux marqueurs pour obtenir le déséquilibre de liaison entre eux et en déduire le nombre de marqueurs nécessaires à l'analyse correcte du génome. Déterminer la densité de marquage optimale permet de planifier le génotypage (si l'analyse est effectuée *a priori*) ou de vérifier la véracité des résultats obtenus (si l'analyse est réalisée *a posteriori*).

En comparant le déséquilibre de liaison des populations élites et des sauvages, on peut aussi repérer des traces de sélection. En effet, dans certaines zones du génome correspondant à des régions soumises fortement à la sélection, le déséquilibre de liaison est plus étendu (longue portée) dans les populations élites que dans les populations sauvages. C'est en quelque



Concept de déséquilibre de liaison (DL).





Représentation du déséquilibre de liaison dans les populations élite et sauvage.

sorte la signature du sélectionneur. On a pu notamment mettre en évidence une pression de sélection très forte au niveau des gènes de monogermie, de stérilité mâle ou de résistance à la rhizomanie (gène *Rz1* sur le chromosome 3).

Le déséquilibre de liaison est donc au service des nouvelles méthodes de sélection basées sur les liaisons marqueurs/gènes causaux, notamment de la génétique d'association et la sélection génomique.

Génétique d'association

La génétique d'association ou GWAS (*Genome-Wide Association Study*) n'a pas d'*a priori* : elle va réaliser un test statistique à chaque marqueur du génome de la betterave pour examiner la relation entre l'allèle au marqueur et les caractères d'intérêt étudiés. Ceux-ci concernent le rendement en sucre blanc par hectare (résultante du poids racine, de la teneur en sucre et des impuretés), la montée à graine et le comportement face aux maladies (oïdium et cercosporiose). Cela permettra au final de détecter les régions génomiques associées à la variation d'un phénotype.

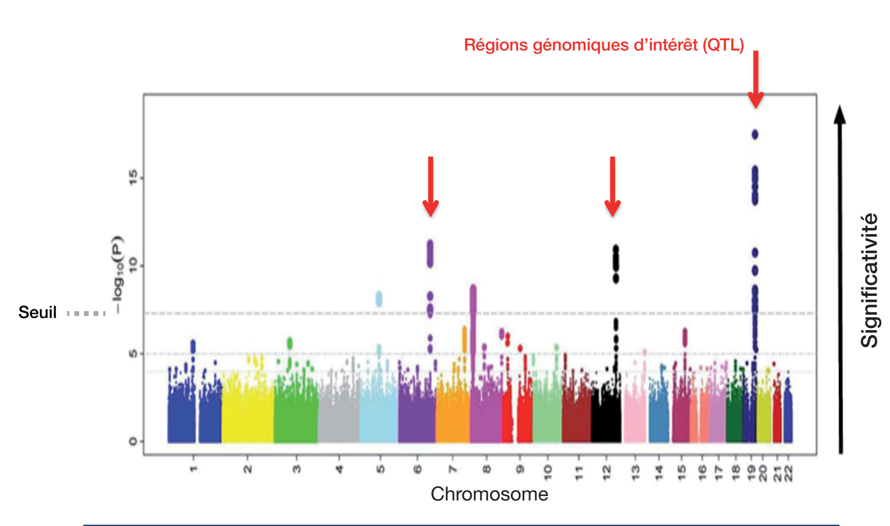
Une fois les tests statistiques d'association réalisés, des *Manhattan plots* (des graphiques aux formes évoquant les gratte-ciels de New York) vont pouvoir être dessinés pour détecter les zones génomiques d'intérêt. Lorsque l'association entre un marqueur et un caractère dépasse une certaine valeur seuil, l'association peut être considérée comme statistiquement significative.



BEC ROUGE ET PLUMAGE BLEU ?

Dans ces analyses d'association, il est essentiel de prendre en compte la structure de la population étudiée, car elle peut générer de fausses associations marqueur/caractère. Par exemple, imaginons deux types d'oiseau appartenant à une même espèce. L'un originaire d'Amérique du Sud porte un bec rouge et un plumage vert alors que l'autre provenant d'une petite île d'Indonésie arbore un bec jaune et un plumage bleu. En outre, on n'a jamais trouvé d'oiseau au bec rouge et au plumage bleu. Si l'on fait un test d'association entre les deux caractères « couleur du bec » et « couleur des plumes », une très forte association est détectée puisque connaître la couleur de l'un permet de déterminer à 100 % la couleur de l'autre caractère.
Et pourtant, en réalité, ces deux caractères ne sont pas liés physiquement sur le génome. Il s'agit d'une fausse association causée par l'isolement géographique des deux types d'oiseau. Si les deux types d'oiseau avaient pu se rencontrer par le passé, des mélanges auraient bien eu lieu et on aurait trouvé dans la nature des oiseaux au bec rouge et aux plumes bleues. Cet exemple démontre l'intérêt de considérer la structure d'une population (ici, en deux groupes distincts) avant de faire une analyse d'association.

Une fois les régions génomiques d'intérêt détectées, elles vont pouvoir être introgressées (introduites) directement dans du matériel adapté aux différents segments de marché (matériel tolérant à la rhizomanie, à la forte pression rhizomanie, aux nématodes à kystes, etc.) grâce aux marqueurs génétiques liés.



Un exemple de représentation de type Manhattan *plots*.

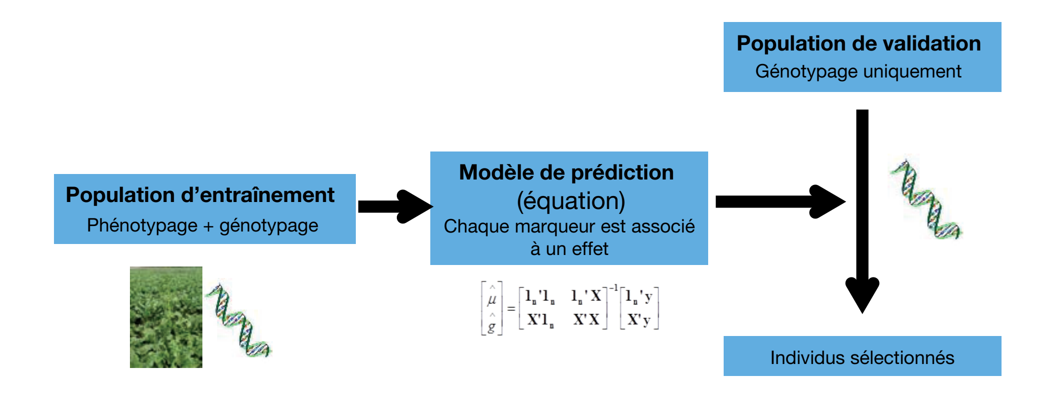
Sélection génomique

Le programme AKER s'est inspiré d'une méthode de sélection qui a fait ses preuves chez les bovins laitiers et qu'il s'est proposé d'appliquer à la sélection de la betterave sucrière. Son intérêt réside dans le gain de temps qu'elle offre dans la sélection (accélération des cycles de sélection), ainsi que dans l'augmentation des précisions de sélection (sélection directement sur l'ADN des plantes).

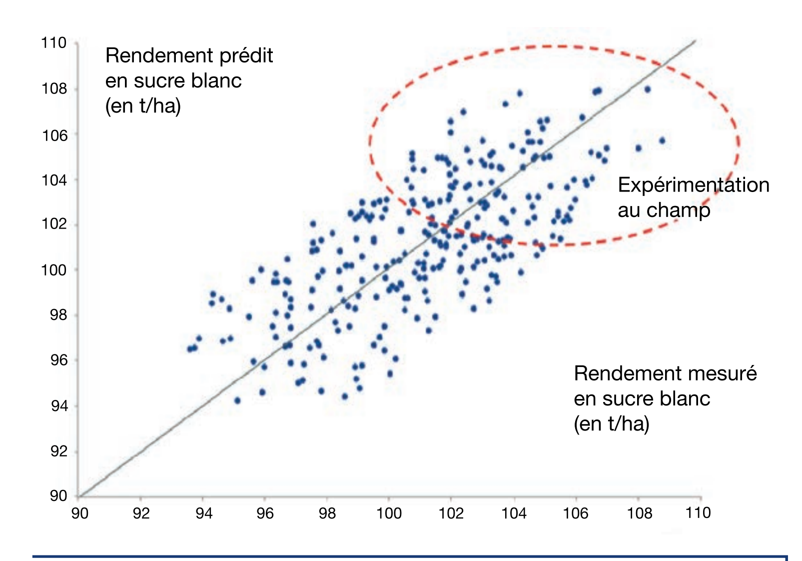
En effet, pour les animaux d'élevage, l'évolution rapide des techniques de séquençage et de génotypage a soulevé de nouveaux défis dans le développement des méthodes de sélection : le concept de sélection génomique a ainsi été introduit en 2001. Il propose de prédire simultanément tous les effets des régions marquées du génome, puis de construire un index génomique en sommant les effets de chaque région et enfin de sélectionner les meilleurs animaux en se basant sur cet index. Les évaluations génomiques permettent des évaluations d'individus plus précises et ont la faculté d'augmenter rapidement le gain génétique des caractères d'intérêt.

Dans le cadre du programme AKER, cette nouvelle méthode de sélection a été mise en place sur les populations élites. Dans un premier temps, on a souhaité prouver que cette méthode était également applicable à la sélection de la betterave sucrière en faisant une démonstration de faisabilité (*proof of concept* en anglais) par validation croisée.

Pour cela, on a tout d'abord pris une population globale élite pour laquelle on disposait d'un génotypage et d'un phénotypage (performances réelles des



Mise en place d'un schéma de sélection génomique.



Capacité de prédiction du rendement en sucre blanc par la sélection génomique.

individus dans les champs). À partir de cette population globale, on a défini d'un côté une population d'entraînement qui allait permettre de calibrer le modèle grâce à la mise en parallèle de son phénotypage et de son génotypage, et d'un autre côté une population de validation dont uniquement le génotypage serait utilisé. La population d'entraînement a été utilisée pour prédire les performances de la population de validation, qui ont été ensuite comparées aux performances réelles disponibles (phénotypage).

La démonstration de faisabilité *in silico* (par l'outil informatique) montre que la sélection génomique de la betterave fonctionne avec des précisions de prédiction de 75-80 %. À titre d'exemple, une population d'entraînement de 1 300 lignées de betterave permet d'obtenir une capacité de prédiction moyenne de 0,775 pour le caractère « rendement en sucre blanc ».

Il convient ensuite d'appliquer ce modèle à des populations en cours de sélection, dont le phénotype est encore inconnu et provenant de croisements entre deux parents élites. Dans le programme AKER, trois schémas principaux ont été comparés : un schéma de sélection phénotypique et deux schémas de sélection génomique, l'un biparental et l'autre multifamilial.

Le schéma de sélection phénotypique propose deux cycles consécutifs de sélection basés sur l'évaluation de la performance des individus au champ en conditions multi-environnementales. Le schéma de sélection génomique biparentale se propose d'entraîner le modèle de prédiction sur la population de

première génération pour laquelle des données de génotypage et de phénotypage au champ auront été collectées. Ce schéma est appelé biparental, car la population d'entraînement du modèle est issue du même croisement initial que la population à sélectionner, mais à des générations différentes. Quant au second schéma de sélection génomique, dite multifamiliale, il se propose de réaliser deux cycles consécutifs de sélection génomique en utilisant un modèle de prédiction créé sur une population historique issue de l'ensemble des programmes de sélection. Le modèle de prédiction aura donc été entraîné sur un ensemble de populations, apparentées ou non à la population à sélectionner.

En fin de programme AKER, le meilleur schéma de sélection *in vivo* aura été défini en comparant à l'aide des différents schémas les performances des individus sélectionnés. La population AKER issue des croisements entre un parent élite et les accessions sauvages pourra alors être prise comme population d'entraînement, et on pourra appliquer la sélection génomique pour la prédiction et la sélection des individus issus des croisements post-AKER.



Comparaison de schémas de sélection classique et génomique.

ELLEN GOUDEMAND-DUGUÉ, AU SERVICE DES SÉLECTIONNEURS

Ellen Goudemand-Dugué est spécialisée en statistiques expérimentales, cartographie génétique, détection de régions du génome liées à des caractères d'intérêt… Mais son cheval de bataille, c'est la sélection génomique sur de nombreuses espèces. « L'intérêt de cette méthode réside dans le gain de temps et dans l'augmentation des précisions de sélection qu'elle permet », explique Ellen.
Le Laboratoire de génétique et de biométrie qu'elle dirige a pour mission d'apporter des outils (bio-informatique, bases de données, génétique, statistiques) en appui aux sélectionneurs pour faciliter leur travail au quotidien. « Notre moteur, c'est l'innovation qui se nourrit au contact direct des organismes publics de recherche. Notre travail consiste à internaliser la recherche publique internationale pour se l'approprier. » L'activité multi-espèce du laboratoire correspond au champ d'investigation de Florimond Desprez (céréales, betterave, pomme de terre) et favorise la transversalité.
Ellen Goudemand-Dugué a accompagné de jeunes chercheurs dans le cadre du programme AKER. Elle a souvent été sollicitée pour présenter celui-ci, tant en France que dans les congrès scientifiques internationaux.



Ingénieure agronome, diplômée d'Agrocampus Ouest, Ellen Goudemand-Dugué est directrice du Laboratoire de génétique et de biométrie chez Florimond Desprez, et spécialiste de la sélection génomique.

Mise en place du système d'information

La société Florimond Desprez a contribué à la création de Génoplante, à l'origine du système d'information GnpIS, transformé pour le programme AKER en un outil informatique ouvert intitulé AIS.

GnpIS (*Genoplante Information System*)

GnpIS est un système d'information intégré, mis au point par l'Urgi (Unité de recherche en génomique-info), unité de recherche de l'Inra (aujourd'hui INRAE). Il permet de gérer les données Inra de génétique et de génomique pour les plantes et leurs pathogènes. En constante évolution depuis plus de quinze ans, il a été utilisé dans tous les Programmes d'investissements d'avenir – AKER (betterave), *Amaizing* (maïs), *Biomasse for the future*, *Breedwheat* (blé), *PeaMust* (pois) et *Rapsodyn* (colza) – où la version maintenue à l'Urgi sert d'entrepôt intégré de données et de mise à disposition de celles-ci à long terme[2].

2 http://urgi.versailles.inra.fr/gnpis.

AIS (*AKER Information System*)

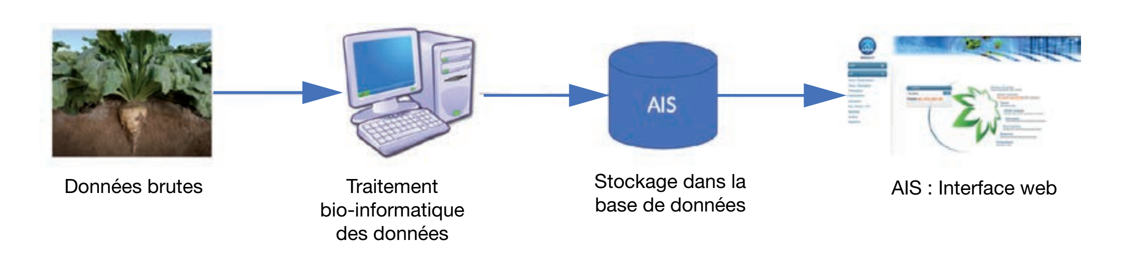
AKER est le tout premier programme à avoir développé et maintenu une version du système d'information GnpIS spécialisée pour la betterave. À cette fin, l'architecture de GnpIS a été dupliquée sous l'intitulé AIS (*AKER Information System*) et une infrastructure matérielle permettant de l'accueillir a été mise en place par le Laboratoire de génétique et de biométrie de Florimond Desprez. La structure de la base de données ainsi que les interfaces web de GnpIS ont ensuite été installées.

AIS a intégré dès le départ les 10 000 accessions de betterave recensées dans le monde entier, en enregistrant leurs coordonnées originales, en corrigeant leurs données passeport, de manière à faire correspondre les multiples banques de gènes en une banque unique à disposition de la communauté scientifique. Ce système permet également de centraliser les données produites (ressources génétiques, génotypage, phénotypage, séquençage, etc.) pour les 3 000 accessions étudiées initialement dans le cadre du programme AKER et ainsi d'assurer leur pérennité.

Toutes les données utiles ou générées par le programme AKER ont été déposées dans AIS :

- les données brutes, sachant que les images ne sont pas chargées dans AIS mais qu'il est possible de les rendre accessibles *via* un URI (*Uniform Resource Identifier*). Ce système garantit leur unicité et leur pérennité ;
- les données élaborées issues d'un processus d'analyse, de calculs statis-tiques ou d'un logiciel d'analyse d'images.

En termes de débit, la structure AIS est adaptée : sur les 3 000 accessions étudiées, aucun problème particulier pour charger les résultats des expérimentations n'a été relevé. De plus, les données publiques issues du



Chaîne de traitement de l'information AKER.

LA BIO-INFORMATIQUE ET LE *BIG DATA*

La bio-informatique est une science à l'interface des disciplines numériques (informatique et mathématiques) et des sciences de la vie (biochimie, biologie, microbiologie, écologie, épidémiologie). Étant donné que les scientifiques génèrent une quantité croissante de nouvelles données portant sur les génomes, les biomolécules, les organismes, leurs interactions et leur évolution, un besoin d'approches informatiques se fait croissant pour la manipulation, le stockage, la visualisation et l'analyse de ces données souvent très complexes.

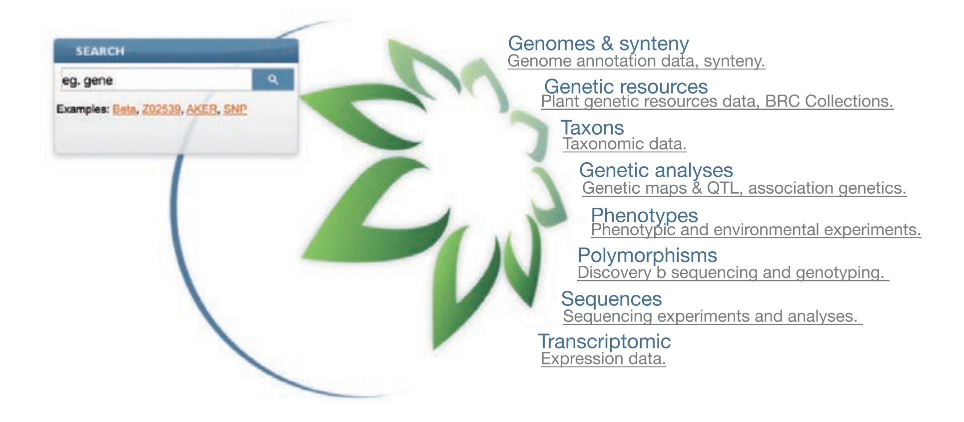
La notion de *big data* recouvre une combinaison de progrès technologiques en lien avec la massification des données et l'usage de ces données. En effet, un ensemble d'innovations technologiques transforme depuis quelques années la façon dont les données sont générées (notamment avec des volumes et des débits exponentiels), transmises, stockées et utilisées, et cela de façon de plus en plus distribuée (*via* le *cloud*).

Par ailleurs, ces données sont très hétérogènes (vidéo, texte, son, image) et les échanges suivent aussi cette tendance à la massification. On observe également des révolutions dans leur structuration, leur visualisation et leurs moteurs de recherche (par exemple Google). Ces nouvelles capacités à « faire parler » de gros volumes de données très hétérogènes constituent la troisième révolution d'Internet et sont basées sur une « sémantisation » de ces données.

Cependant, la montée en puissance du *big data* n'est pas uniquement une histoire de technologies. La génération et le partage d'informations sont des éléments-clés de la richesse et du volume des données, et doivent être mis en regard des évolutions culturelles.

programme AKER ont également été transférées dans le système d'information de l'Urgi, GnpIS, de manière à leur donner une visibilité et à les porter à la connaissance de la communauté internationale des chercheurs en biologie végétale.

Ce système d'information a permis d'agréger les données et de les rendre accessibles de façon conviviale. Pour cela, il aide à gérer de très grandes quantités de données. À titre d'exemple, celles qui concernent le séquençage pèsent 4 téraoctets au total : 2 pour les données brutes, 2 pour les données générées. Le poids des informations à conserver dépend donc des filtres mis en place pour tamiser ces données. AIS offre en outre la possibilité de visualiser les informations essentielles aux moments-clés du programme et de pérenniser les résultats importants après les analyses.



Mise à disposition des informations AKER sur le Web.



Généticienne de formation, Anne-Françoise Adam-Blondon souhaite que l'informatique soit au service de la génétique et de la biologie dans le couple bio-informatique.

ANNE-FRANÇOISE ADAM-BLONDON : L'INFORMATIQUE DOIT RÉPONDRE AUX BESOINS DE LA BIOLOGIE ET DE LA GÉNÉTIQUE

Clin d'œil de l'histoire, c'est lors d'une visite d'étudiants chez Florimond Desprez à Cappelle-en-Pévèle, encadrée par son professeur André Gallais (qui deviendra ensuite membre du comité scientifique du programme AKER), qu'Anne-Françoise Adam-Blondon a confirmé sa vocation pour la génétique. Ingénieure agronome issue de Montpellier, elle a fait ensuite une thèse en génétique à Orsay, puis s'est intéressée à la vigne après son recrutement à l'Inra.

En 2012, elle intègre l'unité de bio-informatique de l'Urgi (Unité de recherche en génomique-info) et reprend en 2015 la responsabilité de l'équipe Systèmes d'information. « Je ne suis pas informaticienne, mais plutôt biologiste et généticienne, déclare Anne-Françoise, je gère la stratégie et les projets de l'équipe au sein de l'Urgi, et je laisse ensuite mes collaborateurs exercer leur travail au quotidien. »

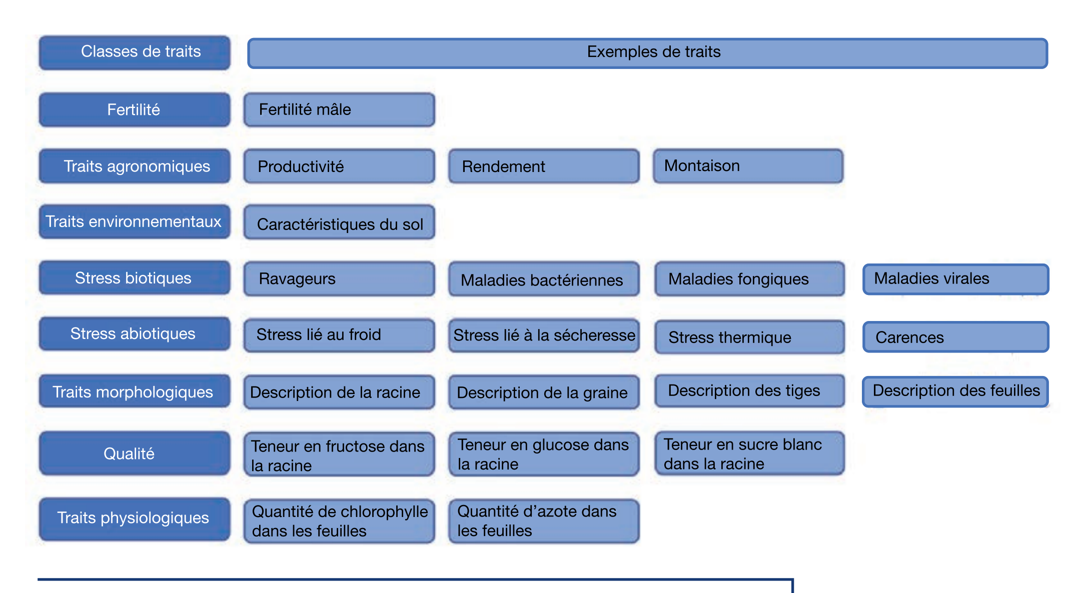
Anne-Françoise apprécie dans la communauté AKER l'ambiance détendue et sympathique qu'elle avait déjà connue dans le secteur de la vigne. Elle a été impressionnée par ce qu'elle a découvert, qu'il s'agisse de la quantité de matériel végétal créé et de données générées, mais également de la mise au point des outils de phénotypage.

Son souhait ? « Que les résultats, notamment en matière de méthodes de sélection innovantes, soient exploités, en s'ouvrant progressivement et de façon durable à une communauté scientifique plus large. »

UNE ONTOLOGIE POUR LA BETTERAVE

Le programme AKER a été l'occasion de mettre au point une ontologie (au sens informatique du terme) pour la betterave, ce qui n'existait pas auparavant*. Ce travail a été réalisé par l'ensemble des partenaires du projet (ITB, Geves, Inra, université d'Angers et Florimond Desprez), sous la houlette du Laboratoire de génétique et de biométrie de Florimond Desprez et avec l'apport de l'expertise de l'Urgi à l'Inra.
Une ontologie est à la fois un vocabulaire universel et une information structurée qui permet de mieux partager des données acquises par différents chercheurs et surtout de faire des recherches automatisées. C'est un dictionnaire, un lexique, une arborescence, une carte des relations entre les termes qui fonctionne avec une logique en cascade.
Ce support, en anglais, fixe les termes avec lesquels on décrit les observations réalisées sur la betterave, de manière à ce que la communauté de recherche internationale parle le même langage. Par exemple, il statue que l'on mesure la feuille en centimètres et non en pouces ; on parle de la racine pour ensuite évoquer sa longueur, sa forme, sa couleur… Actuellement, une centaine de termes sont au point et la première version publique est lancée.
Cette ontologie de la betterave, qui est d'abord destinée à être appliquée sur les données de phénotypage générées dans AKER, a évolué au cours du programme. Elle a été rendue accessible par l'Urgi, et continue à l'heure actuelle d'y évoluer afin de s'adapter constamment au contexte international du phénotypage de la betterave, bien au-delà du programme AKER.

* https://data.inra.fr/dataset.xhtml?persistentId=doi:10.15454/0JIL23



Structure simplifiée de l'ontologie de la betterave.



Issues toutes deux du laboratoire Urgi de l'Inra, Daphné Verdelet (à droite) est aujourd'hui arrivée dans le Nord, tandis que Dorothée Charruaud (à gauche) est restée à Versailles. En liaison permanente tout au long du programme AKER, elles ont travaillé sur la bio-informatique et le système d'information.



DAPHNÉ VERDELET ET DOROTHÉE CHARRUAUD, UN BINÔME POUR LA BIO-INFORMATIQUE

Ingénieure de recherche en bio-informatique, Daphné Verdelet a obtenu un master de recherche en bio-informatique et génomique à l'université de Versailles. Elle a commencé sa carrière à l'Urgi (Unité de recherche en génomique-info) en travaillant sur l'intégration des données et le développement sur GnpIS. En 2013, elle intègre le Laboratoire de génétique et de biométrie chez Florimond Desprez. Elle est intervenue, au sein d'AKER, sur les analyses bio-informatiques, la mise en place de l'infrastructure et des outils indispensables pour ce type de travail, l'hébergement des données nécessaires mais aussi produites dans le cadre du programme. « La bio-informatique a débuté chez Florimond Desprez avec le programme AKER », souligne-t-elle.

Ingénieure développement et déploiement d'applications, Dorothée Charruaud a suivi un parcours universitaire avant d'arriver à l'Urgi : un master de biologie marine (microbiologie fondamentale et appliquée au domaine marin) à Brest, Université de Bretagne occidentale, puis un master professionnel de bio-informatique à Talence, Université de Bordeaux 1. « Dans AKER, je captais les besoins des biologistes pour les retranscrire en interfaces graphiques au sein du système d'information », explique-t-elle. Elle a contribué à développer le système d'information GnpIS (*Genoplante Information System*) en amont, puis AIS (*AKER Information System*). Et Dorothée de souligner le plaisir qu'elle a éprouvé à faire évoluer AIS.

QUEL EST L'IMPACT INTERNATIONAL DU PROGRAMME AKER ?



Mitchell Mc Grath, généticien de l'unité betterave et soja à l'USDA (US Department of Agriculture) et président du Comité scientifique du programme AKER, met l'accent sur l'originalité du projet et salue le travail accompli.

« Félicitations au programme AKER pour avoir franchi cette étape finale ! Ce n'est pas la fin, mais un nouveau départ. La sélection végétale est une entreprise de longue haleine et l'objectif d'AKER a été de préparer ce nouveau départ. Cette base scientifique solide pour de futures améliorations de la génétique de la betterave sucrière confortera l'histoire hautement productive de l'industrie du sucre de betterave, en France et dans le monde. De nombreux progrès ont été accomplis et, comme pour toute bonne recherche scientifique, de nombreuses nouvelles questions sont désormais ouvertes.

Ce projet n'aurait pas pu réussir sans les efforts dévoués de nombreux chercheurs talentueux et du personnel technique. Leurs efforts ont été essentiels. Ces gens méritent toute la reconnaissance et les applaudissements pour leur ténacité à atteindre les objectifs d'AKER, et beaucoup d'entre eux continueront à être impliqués dans l'amélioration de la betterave sucrière pendant les nombreuses années à venir. Après tout, ils sont maintenant les experts des outils, des ressources et des connaissances qu'ils ont contribué à développer pour les mettre au premier plan de la sélection moderne de la betterave sucrière.

En tant que président du comité scientifique, je peux attester que le comité dans son ensemble a été très favorable aux projets menés sous l'égide d'AKER. J'apprécie beaucoup le temps passé et l'attention de ce comité et des responsables du programme AKER pour discuter et répondre aux inévitables préoccupations qui surgissent quand il s'agit d'explorer l'inconnu, en particulier un système biologique complexe tel que l'amélioration génétique de la betterave sucrière. L'étendue et la profondeur de l'expertise scientifique représentée par chacune de ces personnes hautement qualifiées et scientifiquement respectées ont permis de maintenir le cap du projet et, d'une certaine manière, ont contribué à de nombreux résultats fructueux. Nous sommes ravis d'avoir eu la chance d'y participer.

De toute évidence, le programme AKER a eu un impact important : dans l'amélioration et la génétique de la betterave, dans le développement de technologies agricoles et dans un système intégré permettant d'établir des liens entre ces aspects essentiels du développement des variétés de betterave sucrière. Ces impacts et les efforts du personnel formé sous les auspices d'AKER se feront sentir dans les années à venir. Encore une fois, félicitations à l'équipe du programme AKER pour voir ses efforts se concrétiser ! »

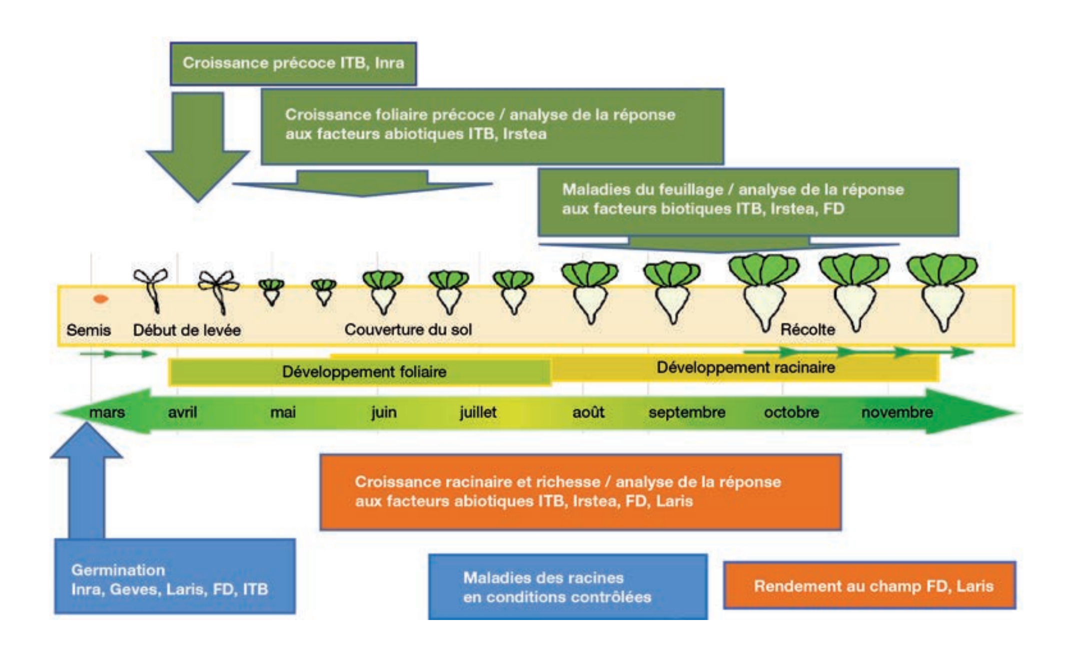



Outils et
méthodes de
phénotypage


Rampe 1

Programme de phénotypage

Le phénotypage, ou évaluation des caractères, consiste à étudier les caractères observables (phénotypes). Le phénotype est le résultat de l'interaction du génotype (des gènes) avec l'environnement. Sa précision dépend de la qualité des outils et des méthodes employés. De plus, le phénotypage à haut débit permet d'analyser directement un grand nombre d'individus dans un environnement donné, mais aussi indirectement dans différentes conditions environnementales. On parle du phénotypage à différentes échelles : de la cellule au champ, en passant par la semence ou la parcelle. Dans le cadre du programme AKER, le phénotypage se concentre sur tous les stades visibles en culture, de la semence à la récolte.



Programme de phénotypage mis en place dans le cadre d'AKER.

Phénotypage des semences et plantules

Le phénotypage des semences consiste à évaluer leurs caractères physiques et physiologiques grâce à des techniques d'instrumentation et d'imagerie. Il comprend deux volets : l'un descriptif (analyses structurale, physique et chimique de la semence), l'autre physiologique (germination de la semence et croissance de la plantule dans différentes conditions contrôlées). L'objet de l'étude est donc bien la semence et les prémices de la levée au champ.

Objectifs du phénotypage

Les chercheurs impliqués dans le programme AKER à l'Inra, au Geves et à l'université d'Angers s'attachent à développer des méthodes innovantes permettant d'évaluer la qualité physique et germinative des semences de betterave. Pour cette raison, ils favorisent le phénotypage automatisé à haut débit piloté par l'informatique. Au terme du programme AKER, 3 000 génotypes ont été ainsi analysés.

L'objectif essentiel consiste à vérifier s'il existe de la variabilité génétique dans la structure de la graine, au stade de sa germination et au début de la croissance des plantules. Les chercheurs s'intéressent plus particulièrement

CONSÉQUENCES DU PHÉNOTYPAGE DES SEMENCES POUR LA FILIÈRE

Si l'on considère l'importance de l'agronomie pour la culture de la betterave, un phénotypage pertinent s'appuie sur la bonne connaissance de l'élaboration du rendement et de sa modélisation. En effet, le rendement est fonction de multiples facteurs comme la vitesse de couverture du sol par la plante, ou encore la quantité d'eau ou d'azote disponible. D'où l'importance d'étudier la rapidité d'implantation en conditions froides liées aux semis de plus en plus précoces, le développement des feuilles face aux maladies, la résistance au stress hydrique, l'assimilation de l'azote. De plus, une couverture plus rapide du sol limite le développement des mauvaises herbes, d'où un moindre recours aux traitements herbicides.
Pour le betteravier tout comme pour le sucrier, l'objectif final consiste à obtenir le meilleur rendement économique possible, tenant compte de l'optimisation des procédés et de leur impact environnemental. Le consommateur, quant à lui, est sensible au coût final du produit, à la localisation de la production et au respect de son environnement. Indéniablement, pour les prescripteurs de la filière, le programme AKER permet de mieux appréhender les besoins de chacun des acteurs de manière à leur fournir les outils permettant d'y répondre. Le conseil prendra de plus en plus d'importance dans la dynamique de la filière betterave-sucre.

aux phases précoces : la semence et sa germination dans des conditions favorables, ou au contraire en conditions stressantes (par exemple à basses températures). Toutes ces mesures réalisées à un stade précoce, allant jusqu'à la germination et à la croissance d'une très jeune plantule, doivent permettre d'alimenter des algorithmes de prédiction pour un ensemble de caractéristiques liées à des plantes adultes. Ainsi, le taux de sucre d'une plante adulte peut être prédit par le taux de sucre de la jeune plantule, et sa capacité d'enracinement par la vitesse d'élongation racinaire.

Les outils de phénotypage des semences et plantules

L'Inra, l'université d'Angers (Laris) et le Geves ont élaboré et développé ensemble des outils d'imagerie et de traitement numérique, dont les performances ont été évaluées et améliorées tout au long du programme. Différentes modalités modernes d'imagerie, inspirées de l'imagerie biomédicale, ont été testées pour leur apport au phénotypage du végétal. En termes de recherche, certaines études ont fait figure de « premières » dans leur application au phénotypage de la betterave. Au-delà de ces études fondamentales en laboratoire, les techniques de phénotypage identifiées comme les plus pertinentes ont été développées jusqu'à des mises en œuvre en routine, par des systèmes automatisés dédiés, sur de grandes populations de semences en conditions variées. Les méthodes de traitement numérique des images ont aussi été largement développées. Des techniques spécifiques ont été élaborées et mises en œuvre pour reproduire informatiquement les critères des experts humains dans l'analyse des caractères phénotypiques. La grande variabilité de comportement du matériel génétique AKER a également demandé de nombreuses adaptations techniques comme celle de repousser les limites des conditions de l'observation.

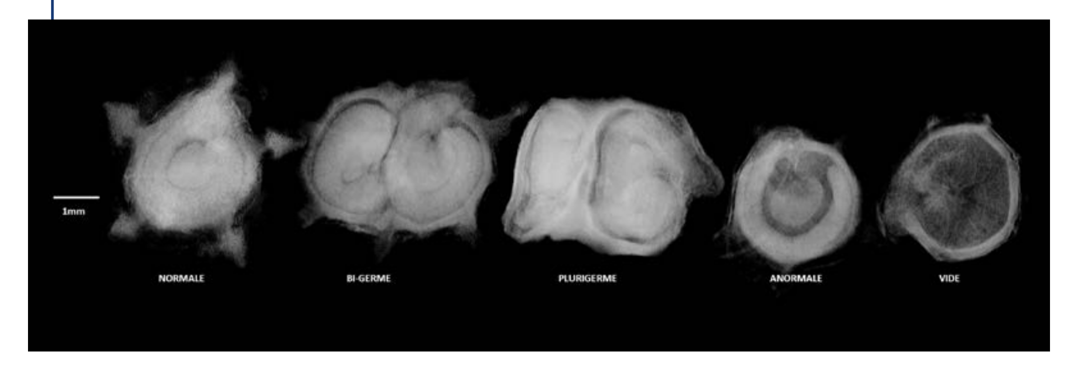
La radiographie

C'est une méthode utilisant les rayons X pour observer l'intérieur d'un objet. Elle permet d'obtenir une image de ses structures internes, dont le contraste dépend de l'épaisseur et du coefficient d'atténuation des structures traversées. Cette technologie est non destructive et non invasive. Appliquée aux semences, la radiographie permet d'observer les différents composants internes de la semence – embryon, périsperme (réserve) et tégument (paroi) – et de mettre en évidence des caractéristiques telles que les semences vides, les semences anormalement formées, les dégâts d'insectes ou autres dommages.

La radiographie 2D

Elle reproduit une image en deux dimensions (2D) d'un objet en trois dimensions (3D). Elle est appliquée en routine sur semences depuis plusieurs années. Cette technologie présente l'avantage d'être rapide mais, dans la plupart des cas, la radiographie 2D possède surtout un intérêt qualitatif. Dans le cadre du programme AKER, elle a été utilisée principalement pour procéder au pré-tri des semences avant des analyses 3D (plus précises mais plus longues) et des analyses de germination. Par son débit élevé, cette technique a permis de trier et d'éliminer les semences de betterave anormales, vides, bigermes et plurigermes.

Semences de betterave prises en radiographie 2D et présentant le pré-tri effectué dans le cadre du programme AKER.

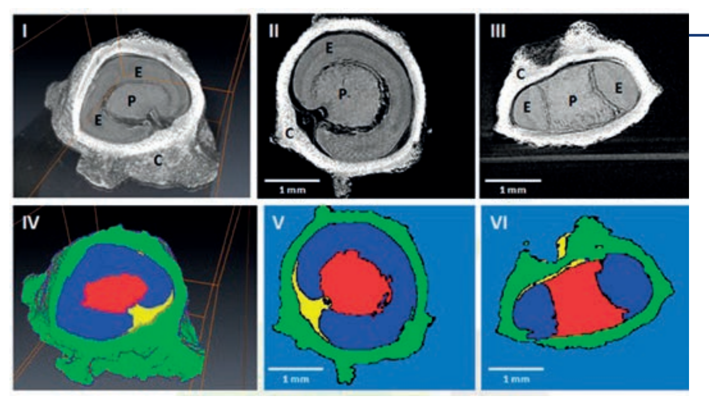


La tomographie 3D par rayons X

Cette technologie permet de générer des images en 3D et à haute résolution. Le principe est le suivant : l'image 3D de la morphologie interne de l'objet est obtenue à partir d'une grande série d'images radiographiques 2D prises autour d'un seul axe de rotation. Ces images 3D sont ensuite analysées à l'aide d'outils de traitement d'images. À la différence de la radiographie 2D, le débit d'analyse est moins rapide mais cette technologie va permettre l'accès à des mesures quantitatives très précises, de volume mais aussi de surface de contact des compartiments de la semence.

Au cours du programme AKER, une nouvelle méthode de phénotypage des structures internes de semences de betterave par tomographie 3D a été développée et les débits d'analyse progressivement augmentés. Cette méthode permet une caractérisation détaillée des semences de différents génotypes en extrayant quatorze traits d'intérêt. Une chaîne de traitement d'images automatisée permet la segmentation et l'individualisation des trois principaux composants de la semence (embryon, périsperme et tégument). De cette manière, les volumes, surfaces et formes de ces composants internes ainsi que





Segmentation des images de semences de betterave. Rendu volumique 3D montrant l'embryon (E), le périsperme (P) et le tégument (C) avec (I) une coupe en coin, (II) une coupe transversale, et (III) une coupe longitudinale. La segmentation montre des composants séparés avec des étiquettes différentes (bleu pour E, rouge pour P et vert pour C pour chaque vue en coupe [IV, V, VI]). Le jaune représente le vide : le taux de remplissage en tient compte.

le taux de remplissage des semences ont été évalués. Pour la première fois au niveau mondial, ce dispositif a permis de mettre en évidence de grandes différences de structures internes des semences au sein d'une population de betteraves issue d'un seul croisement.

SYLVIE DUCOURNAU, DES MÉTHODES INNOVANTES POUR LE PHÉNOTYPAGE DES SEMENCES

« Grâce à sa Station nationale d'essais de semences (Snes), le Geves est, avec l'Inra devenu INRAE, la face biologique de l'imagerie », explique Sylvie Ducournau. La mission du laboratoire de germination de la Snes consiste à évaluer la qualité germinative des semences pour déterminer leur potentiel de germination, et à fournir des résultats pour la commercialisation des lots de semences en France et à l'étranger.

Dans le cadre du programme AKER, « il s'agissait de développer de nouvelles méthodes innovantes qui ont permis d'évaluer la qualité germinative, mais aussi physique des semences de betterave, avec du phénotypage si possible automatisé », poursuit Sylvie.

Ainsi, la Snes possède des bancs de germination qui fonctionnent dans le cadre de la plateforme Phenotic. Elle comprend également le Laboratoire d'analyses physiques des semences qui s'est équipé en 2013 d'un tomographe, nouvel outil d'imagerie à rayons X en trois dimensions. « L'équipe s'est battue aux côtés de Bruno Desprez pour acquérir cet équipement dans le cadre du programme AKER, parce qu'elle croyait à son potentiel », rappelle Sylvie.

Elle résume ainsi la démarche du phénotypage des semences mise en œuvre à Angers : « Nous devions développer de nouvelles méthodes, les adapter à la betterave, les extrapoler à haut débit et produire des résultats. »



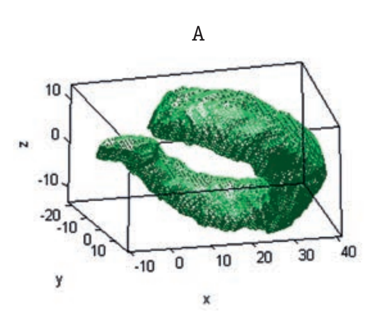
Responsable du laboratoire de germination de la Snes, au sein du Geves, Sylvie Ducournau a coordonné les travaux sur le phénotypage des semences pour le programme AKER.

L'IRM (imagerie par résonance magnétique)

Elle permet de cartographier en 3D, de façon non destructive et non invasive, des constituants biochimiques essentiels de la semence et de la plantule. Au commencement du programme AKER, très peu d'études existaient concernant l'application de l'IRM à la betterave. Il a été démontré que l'IRM permet de localiser et de quantifier les lipides qui caractérisent l'embryon, organe essentiel pour le stade précoce du développement de la plante.

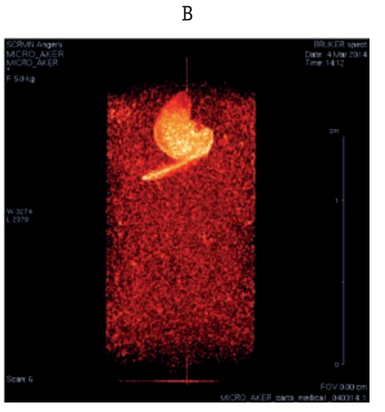
L'IRM a aussi été exploitée pour caractériser en 3D les dynamiques spatiotemporelles de l'eau entrant dans la semence lors de la phase d'imbibition qui déclenche la germination. L'information fonctionnelle apportée ici par l'IRM est utilement couplée avec l'information anatomique de la tomographie par rayons X qui identifie des réseaux de microcanaux distribués dans la semence. On accède ici à l'imagerie non invasive d'une phase essentielle du processus où l'on passe d'une semence sèche inerte à une plante vivante en croissance.

A

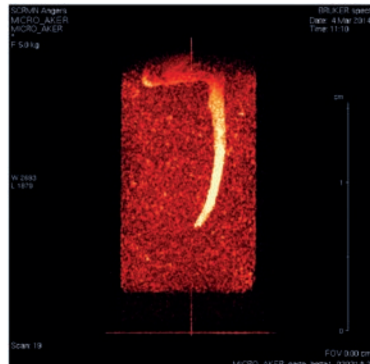


Images typiques de coupes 2D et IRM en 3D de semences de betterave.
A : visualisation des lipides permettant celle de l'embryon.
B et C : visualisation et quantification de la dynamique d'imbibition déclenchant la germination et la croissance de la plante.

B



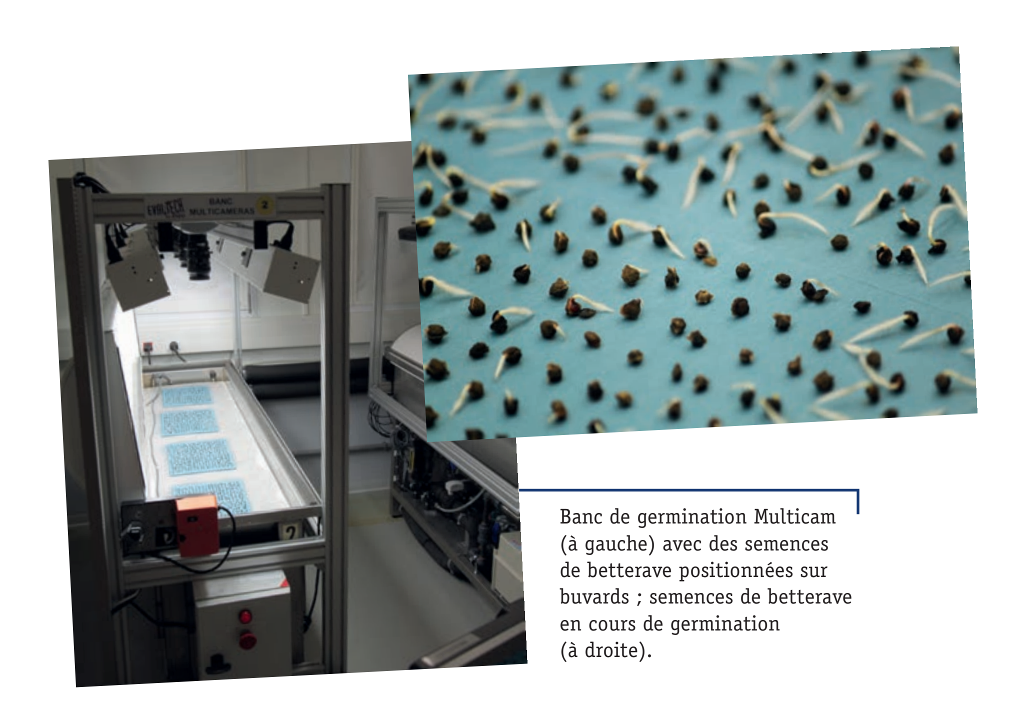
C



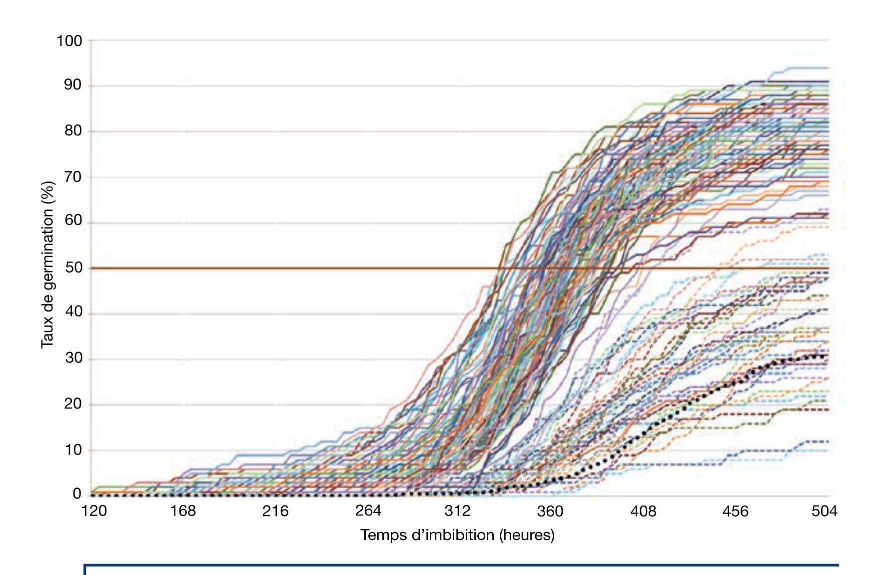
Les bancs automatisés de germination Multicam

Ces bancs ont été utilisés pour faire germer les semences de betterave sur du buvard alimenté en eau de façon continue, afin d'étudier la cinétique de germination à différentes températures. Ces équipements ont été mis au point au début des années 2000 et ont été continuellement améliorés lors du programme AKER pour les semences de betterave, sur le débit de phénotypage et sur l'élargissement de la gamme de températures. Ainsi, on peut désormais phénotyper la germination de 2 400 semences de betterave simultanément sur un même banc et élargir les gammes de températures de germination entre 5 et 20 °C. L'automatisation du traitement des images permet quant à elle de produire des données et des courbes pour évaluer la vitesse de germination.

Une fois les semences disposées sur le buvard, des images sont prises de façon automatique à des intervalles de temps choisis selon la durée de la germination : toutes les deux heures lorsque la germination est réalisée à 10 ou 20 °C et toutes les quatre heures lorsque la germination est plus lente à 5 °C. La détection du temps de germination à l'échelle de la semence individuelle est réalisée grâce à un traitement automatisé des images reposant sur le mouvement de la semence lors de sa germination et sur l'apparition de sa radicule. Le cumul des mesures individuelles sur l'ensemble des semences et



Banc de germination Multicam (à gauche) avec des semences de betterave positionnées sur buvards ; semences de betterave en cours de germination (à droite).



Cinétiques de germination de 136 génotypes de betterave, produits au cours du programme AKER, présentant des comportements contrastés à la température de 5 °C.

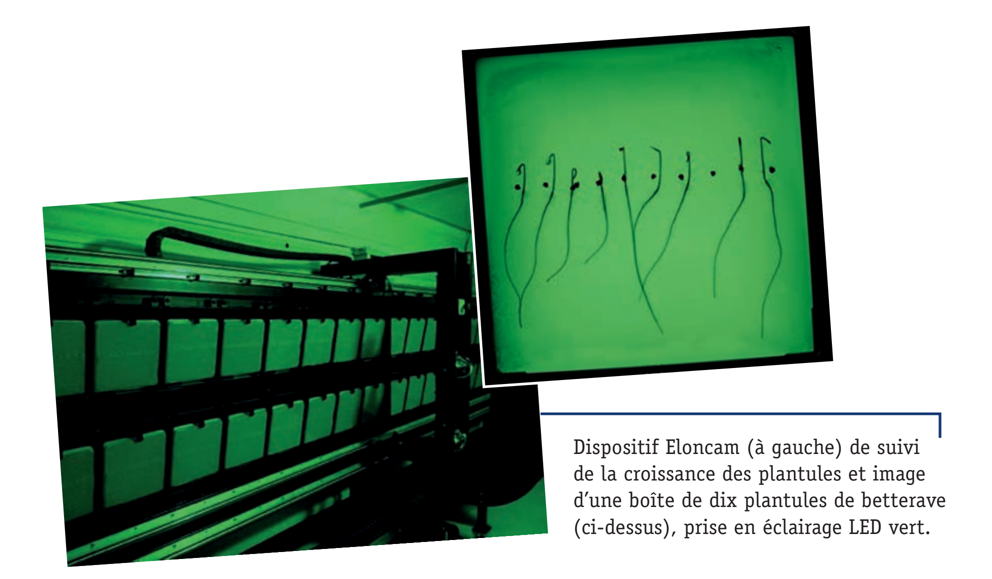
des images prises sur la durée du processus de germination permet de produire des cinétiques de germination et d'apprécier la vitesse de germination (par exemple, temps nécessaire pour atteindre 50 % de germination ou pourcentage de germination après x heures ou jours).

Quatre bancs de germination sont disponibles pour ces essais, au sein du Geves, partenaire de la plateforme Phenotic. Ce débit élevé a permis de phénotyper, au cours de deux dernières années du programme AKER, 2 744 génotypes pour leur germination à 5 °C. Puis, sur la base de ces résultats, les 136 génotypes les plus extrêmes ont été sélectionnés et phénotypés plus complètement pour leur germination à 10 et 20 °C. Enfin, ont été déterminées leur vitesse de croissance à l'aide du dispositif Eloncam (voir ci-après) et leur morphologie interne grâce à la tomographie RX en 3D (voir précédemment).

Le banc automatisé Eloncam

Le principe de ce banc consiste à utiliser une caméra sous lumière verte inactinique pour acquérir des images au cours de la croissance des plantules. Ce dispositif modélise la croissance après germination et sous terre de la plantule, qui est une phase décisive. Par ailleurs, certains traits de croissance racinaire sont susceptibles d'être corrélés à ceux de la croissance à des stades

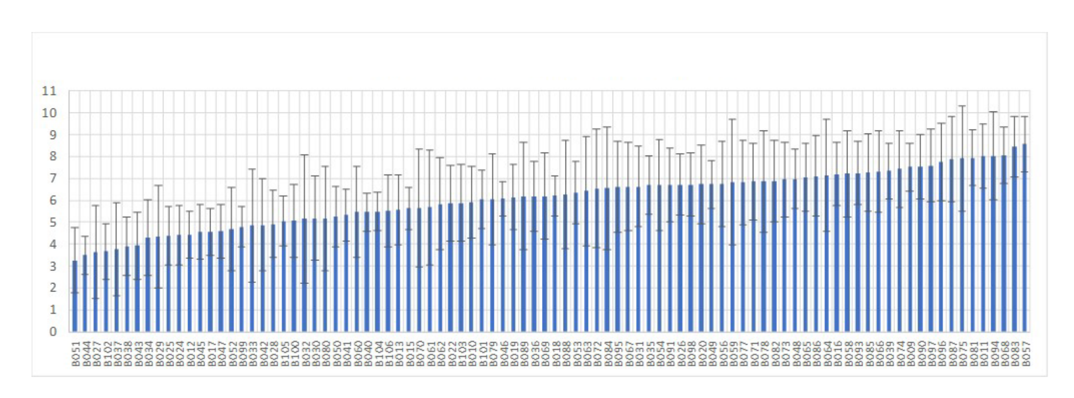




Dispositif Eloncam (à gauche) de suivi de la croissance des plantules et image d'une boîte de dix plantules de betterave (ci-dessus), prise en éclairage LED vert.

plus avancés de la plante. On analyse numériquement les images pour mesurer l'élongation de la plantule et de ses différents organes d'intérêt (radicule, hypocotyle, cotylédons) lors des premières phases de croissance. La plateforme permet de filmer simultanément 400 plantules en croissance.

Durant le programme AKER, le dispositif Eloncam a été mis en œuvre pour une plus grande capacité, pour des températures relativement basses (10 °C) et sans problème de dysfonctionnement sur des périodes longues. Conjointement ont été élaborés les programmes informatiques pour l'analyse

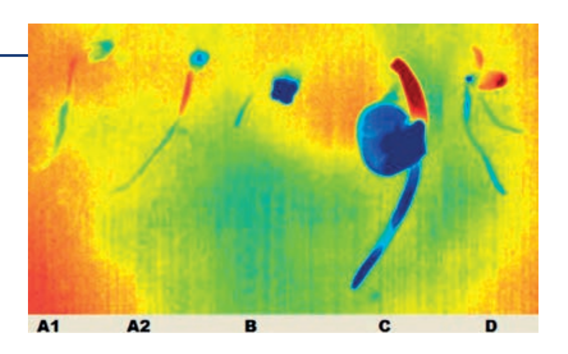


Taux d'élongation en mm/jour mesuré à 10 °C sur 20 plantules issues de 93 génotypes de betterave.

des images mesurant l'évolution de l'allongement des plantules et de leurs trois organes d'intérêt. Les mesures automatisées ont été confrontées aux mesures réalisées manuellement. On peut ainsi obtenir, pour les génotypes sélectionnés de betterave, des éléments de caractérisation comparatifs.

L'imagerie thermographique

Elle permet de cartographier finement les contrastes de température en les traduisant par des couleurs. Cette imagerie ne nécessite pas d'éclairage. Elle a notamment été utilisée pour suivre la croissance des organes essentiels de la plantule en conditions réelles d'obscurité. Elle a aussi été testée pour doser de manière non destructive des sucres dans les plantules et leurs organes internes.



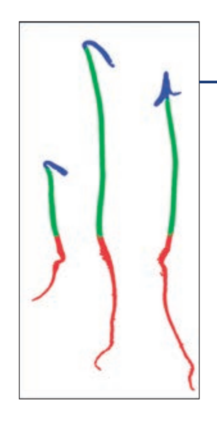
Images de thermographie de semences et plantules en développement, avec des contrastes de température permettant en particulier de distinguer et de suivre la croissance des trois organes essentiels de la plantule. Sur l'image, la partie racinaire apparaît (en bleu) plus froide que la partie aérienne (en rouge).

L'imagerie hyperspectrale

Ce type d'imagerie permet de réaliser des images dans un très grand nombre de bandes spectrales (160 pour les études AKER), quand l'imagerie couleur standard se limite à trois bandes spectrales autour des trois couleurs primaires rouge, vert et bleu. L'hyperspectral délivre en outre des images qui ne sont plus limitées au spectre visible, mais étendues dans l'infrarouge. Il est ainsi possible d'obtenir des informations beaucoup plus riches pour observer et caractériser les structures végétales et surtout leur composition chimique. Dans le cadre du programme AKER, on a pu réaliser par exemple la segmentation automatique des organes internes des plantules. Cette technique nécessite toutefois d'éclairer dans un large domaine spectral ; elle n'est donc pas directement applicable à l'obscurité.



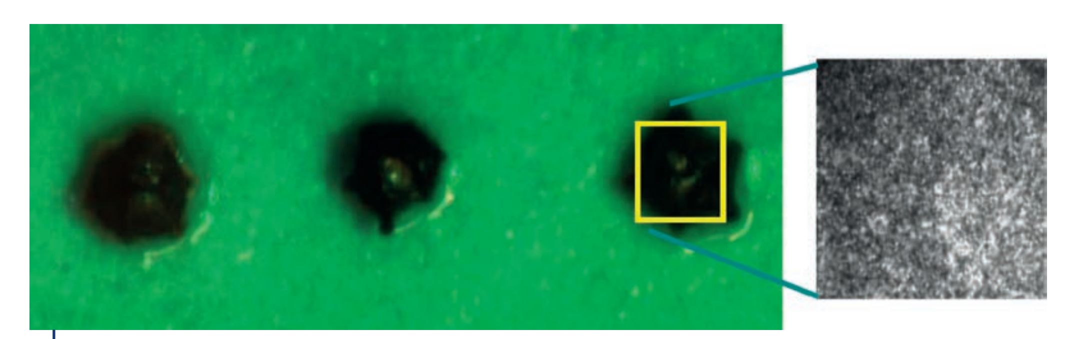




Images hyperspectrales de plantules où l'exploitation des bandes spectrales les mieux adaptées permet de distinguer, détecter et mesurer des caractéristiques invisibles ou très peu visibles en imagerie standard.

L'imagerie de biospeckle

Cette imagerie utilise une illumination laser cohérente afin d'obtenir des images à une résolution spatiale submicronique correspondant à la longueur d'onde de la lumière incidente. Cette technique non destructive permet de suivre les états de surface et leur évolution sur les échantillons végétaux. Sur les semences par exemple, la technique peut être appliquée pour la détection et le suivi du développement de pathogènes. On peut également aborder la caractérisation du processus d'imbibition de la semence, *via* le suivi des flux hydriques périphériques, leur établissement, intensité, diminution, arrêt. Tandis que l'IRM donne une vision volumique des flux hydriques dans la semence, mais au moyen d'un instrument sophistiqué et onéreux, le *biospeckle* donne une vision surfacique en 2D des flux hydriques au moyen d'une instrumentation beaucoup moins onéreuse et donc plus facilement accessible.



Images typiques de *biospeckle* de semences de betterave permettant la caractérisation des états de surface, la microrugosité, les micromouvements, à l'échelle submicronique de la longueur d'onde d'un faisceau laser incident.

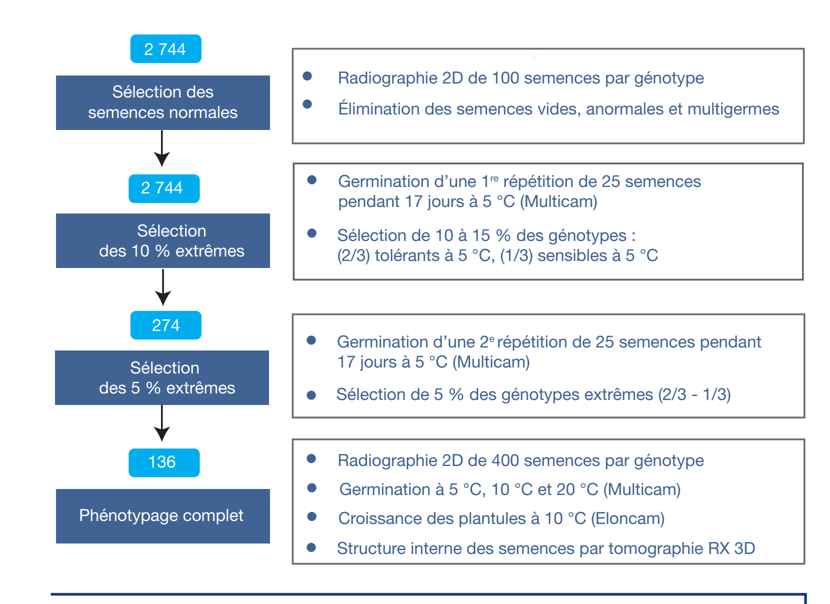
PERSPECTIVES OFFERTES PAR LE DÉPLOIEMENT DES OUTILS DE PHÉNOTYPAGE

À côté des techniques d'imagerie prospective, dont les capacités d'acquisition sont encore relativement réduites, d'autres équipements déjà développés sur d'autres espèces et d'autres projets ont été adaptés et optimisés au phénotypage des semences de betterave : il s'agit des équipements Multicam et Eloncam. La tomographie RX 3D a été mise en œuvre et développée de façon spécifique pour le programme AKER. L'ensemble de ces trois équipements, accompagnés des méthodes de traitement d'images automatisées, ont permis de réaliser le phénotypage des quelque 3 000 hybrides de betterave produits au cours du programme.
Sur sa durée, AKER a accompagné et contribué au déploiement des sciences et technologies de l'information au service du phénotypage du végétal. On dispose à présent d'un ensemble d'instruments et de techniques d'imagerie qui peuvent être exploités pour de nombreuses autres études, sur des cultures très variées, pour progresser à la fois dans la connaissance fondamentale et dans la maîtrise pratique du phénotypage.
Les traitements informatiques les plus avancés au terme du programme exploitent les méthodes les plus récentes de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique. Plutôt que de se baser sur une énonciation explicite des critères à programmer informatiquement pour l'extraction des caractères phénotypiques, ces nouvelles approches se basent sur l'apprentissage automatique par ordinateur. À partir d'un ensemble d'images préalablement classifiées et annotées par l'expert, le système informatique est capable de s'adapter afin d'inférer par lui-même des règles de fonctionnement intégrant la démarche de l'expert humain.
Toutes ces avancées dans l'instrumentation et le traitement des données pour le phénotypage ouvrent de larges perspectives pour progresser dans une meilleure connaissance et maîtrise du végétal.

Synthèse du protocole de phénotypage des semences

Grâce aux développements conduits tout au long du programme AKER, avec l'objectif de multiplier les outils et d'augmenter les débits de phénotypage, il a été possible de phénotyper en peu de temps un nombre très important de génotypes de betteraves, dans le cadre d'un protocole de phénotypage séquentiel sur des effectifs de semences réduits au départ à 2 744 génotypes. Ce protocole a eu pour objectif de sélectionner 5 % de l'ensemble des génotypes sur la base de leurs comportements extrêmes de germination à 5 °C, puis de compléter leur phénotypage avec des caractéristiques germinatives (à 5, 10 et 20 °C), de croissance à 10 °C et de structure interne. Les caractéristiques de qualité des semences de ces 136 génotypes extrêmes sont à comparer d'une part à leur comportement au champ (aux stades précoces et plus avancés) et d'autre part à la structure génétique du matériel produit, de façon à identifier d'éventuels caractères d'intérêt.





Étapes successives de phénotypage des semences issues de 2 744 génotypes de betterave au cours du programme AKER.

FRANÇOIS CHAPEAU-BLONDEAU : AKER RAPPROCHE LES SCIENCES « DURES » ET LE VIVANT

François Chapeau-Blondeau fait partie de la communauté des Stic (Sciences et technologies de l'information et de la communication), tournée vers les sciences « dures ». Il est membre du Laris, qui regroupe 50 enseignants-chercheurs, doctorants et stagiaires de l'université d'Angers, dont une dizaine participe à des travaux sur le végétal.
« L'interface avec le vivant est très riche en termes de questionnement scientifique, affirme François, cela crée une véritable dynamique. » En effet, la réputation de la place d'Angers dans le domaine du végétal et de la semence constitue un pôle de structuration fort. « Certes, le végétal n'est pas notre domaine de compétences nominal, poursuit-il, mais il existe une véritable synergie entre les disciplines. Les biologistes ont besoin de s'allier les compétences des physiciens, et les Stic ont besoin d'impact concret et d'applications pour leurs travaux. » Outre le domaine du végétal, celui du médical profite en effet depuis longtemps de la collaboration des membres du Laris.
Ce partenariat a été bénéfique pour le programme AKER, ce que confirme François Chapeau-Blondeau : « AKER a permis de développer la dynamique de la plateforme de phénotypage Phenotic, de rapprocher les sciences "dures" en direction du vivant, d'une manière plus formalisée, plus conceptualisée. » Avec la perspective d'utiliser ces outils pour d'autres espèces végétales.



Professeur à la faculté des sciences de l'université d'Angers, François Chapeau-Blondeau est rattaché au département de physique et a participé à la mise au point des méthodes d'imagerie pour le phénotypage des semences.

Phénotypage en végétation, au champ

La solution combinant l'imagerie multispectrale embarquée sur drone et les méthodes d'estimation par indices de végétation semble satisfaire toutes les contraintes opérationnelles requises pour le phénotypage haut débit des couverts de betterave au champ. Elle a été mise en œuvre en 2018 et 2019 pour phénotyper les 3 000 génotypes du programme AKER.

Phénotypage des parties aériennes

Aux côtés des variables de phénotypage classiques (rendement, notations visuelles de maladies, etc.), des méthodes ont été mises au point dans le cadre du programme AKER pour caractériser le développement et la croissance du couvert tout au long de la culture. Parmi ces variables, la structure des plantes (fraction verte, indice foliaire, etc.) renseigne sur leur capacité à intercepter le rayonnement photosynthétique incident, tandis que la teneur en chlorophylle foliaire renseigne sur leur capacité à absorber ce rayonnement intercepté pour la photosynthèse. Ces variables structurelles et biochimiques font progresser la connaissance du comportement des variétés dans leur interaction avec leur environnement. Elles sont également de précieux indicateurs d'éventuels stress.

Pour accéder à ces mesures, la télédétection optique est un outil essentiel pour estimer les variables de façon non destructive au cours du temps. En effet, la plupart d'entre elles affectent la réponse spectrale des couverts végétaux entre 400 et 2 500 nm, et sont donc théoriquement mesurables *via* des capteurs multi- ou hyperspectraux embarqués sur satellite, avion, drone ou plateforme terrestre.

Les exigences du phénotypage au champ

Le cas particulier du phénotypage au champ impose un certain nombre de contraintes opérationnelles à l'utilisation de la télédétection. La caractérisation de parcelles d'essais de quelques mètres carrés nécessite des observations à haute résolution spatiale (typiquement, de l'ordre de quelques centimètres, voire moins). De plus, ces mesures doivent être réalisées avec des temps de revisite relativement courts afin de pouvoir suivre les stades critiques du développement de la culture. Elles doivent également avoir un débit suffisant afin de pouvoir caractériser les quelque 3 000 génotypes créés dans AKER. Enfin, les estimations doivent être suffisamment précises pour bien discriminer les génotypes. Au cours du programme, différentes solutions de phénotypage ont été envisagées, depuis des mesures optiques réalisées au sol jusqu'au développement de méthodes dédiées à l'imagerie multispectrale embarquée sur drone, technique utilisée finalement pour le phénotypage.

GILLES RABATEL, L'IMAGERIE HYPERSPECTRALE AU CHAMP

« Nos travaux sur la betterave ont permis de compléter nos connaissances et notre expertise dans le domaine de la mesure au champ par imagerie classique et hyperspectrale, en rencontrant des difficultés nouvelles par rapport à nos expériences précédentes sur cultures pérennes et sur blé. La betterave m'a enseigné l'humilité ! », déclare Gilles Rabatel. Il fait partie du pôle « Imagerie multi- et hyperspectrale » au sein du laboratoire COMiC (Capteurs optiques pour les milieux complexes) à Montpellier.
« En 2015, Irstea et l'ITB démarrent leurs réflexions sur un prototype global pour le phénotypage au champ », se rappelle Gilles. « Nous avons évalué et mis au point différents outils et méthodes de phénotypage pour la mesure de la hauteur des plantes et de la surface foliaire, de la teneur en azote et/ou en chlorophylle des feuilles, en comparaison avec des mesures de référence. » Il s'agit de la photogrammétrie, de l'imagerie hyperspectrale VNIR et SWIR, de la radiométrie. Les chercheurs d'Irstea ont également regardé la possibilité de passer d'une image hyperspectrale à une image multispectrale.
Dans la foulée, « Irstea a recommandé une solution installée sur un drone avec différentes alternatives selon le nombre et l'importance des mesures à effectuer », résume Gilles Rabatel. L'ITB et la société Hiphen ont poursuivi les investigations en ce sens.



Directeur de recherche d'Irstea, devenu INRAE, à Montpellier, Gilles Rabatel a une longue expérience de l'imagerie dans de nombreuses applications, notamment pour le phénotypage de la feuille de la betterave dans le cadre du programme AKER.

Premiers travaux exploratoires en proxidétection

Photogrammétrie

Durant les trois premières années du programme AKER, plusieurs techniques d'imagerie de proxidétection ont été explorées pour estimer la structure et la biochimie du couvert foliaire des betteraves. Dans un premier temps, une étude a été menée afin d'examiner l'intérêt de la photogrammétrie pour caractériser la structure de la végétation. Le principe de cette technique consiste à construire une image 3D à partir d'images RGB partiellement superposées, acquises sous différents angles de visée. Cela permet ainsi d'accéder directement à l'architecture des plantes *via* des modèles 3D. Ces modèles rendent non seulement possible d'estimer très précisément la hauteur de la végétation, mais également de reconstituer la surface foliaire pour les stades précoces. En revanche, le processus de reconstruction peut être considérablement perturbé en présence de vent, et les recouvrements entre feuilles conduisent à des sous-estimations de la surface foliaire pour les stades avancés.

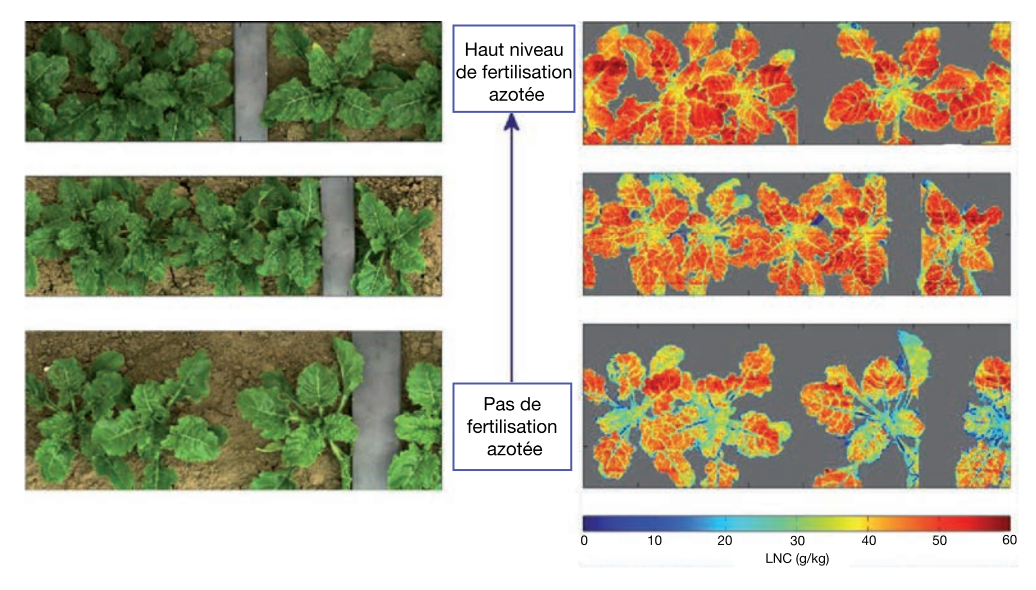
Imagerie hyperspectrale

Le programme AKER a ensuite étudié le potentiel de l'imagerie hyperspectrale de proxidétection pour estimer la teneur en azote des feuilles de betterave. En 2013 et 2014, les expérimentateurs ont collecté une grande quantité de données incluant plusieurs sites, stades de développement, variétés et niveaux de fertilisation. Ils ont fait l'acquisition de nombreuses images hyperspectrales dans les domaines VNIR (*Visible and Near Infrared Range*, 400 – 1 000 nm) et SWIR (*ShortWave Infrared Range*, 1 000 – 2 500 nm). Les prises de vue ont été réalisées à 1,50 m du sol, permettant d'atteindre une résolution spatiale de l'ordre du millimètre.

En parallèle, des mesures de référence des teneurs en chlorophylle, en azote, et d'indice foliaire ont été réalisées. Dans un premier temps, l'étalonnage a été effectué par régression PLS (*Partial Least Squares*), qui a montré des résultats acceptables dans le VNIR. En revanche, des résultats décevants



Banc robotisé utilisé pour l'acquisition d'images hyperspectrales au champ.

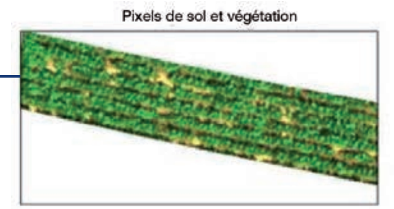


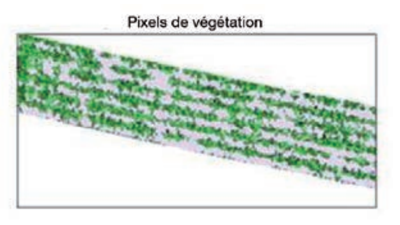
Cartographie de l'azote réalisée par imagerie hyperspectrale VNIR.

furent obtenus dans la gamme de longueurs d'onde du SWIR, l'effet de l'azote étant masqué par celui de l'eau présente non seulement dans les feuilles mais également dans l'atmosphère.

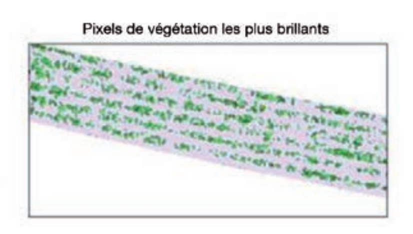
Malgré les résultats corrects obtenus dans le VNIR, la pertinence d'utiliser des méthodes statistiques multivariées (PLS) pour le phénotypage fut remise en question en fin d'année 2014. Dans le cas particulier de la teneur en azote par exemple, la corrélation avec le contenu en chlorophylle est trop dépendante des années, des stades de développement, des conditions pédoclimatiques ou même des variétés. Cette situation n'est pas compatible avec le phénotypage de milliers de variétés n'ayant pas été intégrées dans la base d'étalonnage.

À partir de 2015, les chercheurs ont étudié la possibilité de simplifier l'acquisition des images en choisissant judicieusement quelques bandes représentatives dans le spectre, par souci d'économie et de rapidité d'exécution. En effet, acquérir une image multispectrale est instantané, tandis qu'acquérir une image hyperspectrale nécessite de quelques secondes à quelques dizaines de secondes selon le nombre de bandes. De nouvelles méthodes de traitement des spectres ont donc été explorées, reposant sur le calcul d'indices de végétation ou sur l'inversion du modèle de transfert radiatif Prosail. Les indices de végétation sont obtenus à partir d'une combinaison de deux à trois longueurs d'onde.





Pixels de végétation les plus sombres



Choix des pixels permis par la résolution milli- à centimétrique.

À partir des images hyperspectrales dans le domaine VNIR, différents indices de végétation ont ainsi été testés en faisant varier la résolution spatiale et le choix des pixels utilisés pour calculer les indices. Ces derniers incluaient des indices publiés dans la littérature scientifique, mais également des indices optimisés grâce aux nombreuses bandes spectrales disponibles avec la caméra VNIR. Afin d'estimer la chlorophylle, et pour des résolutions spatiales suffisamment fines, l'utilisation d'une bande de référence située au niveau du principal pic d'absorption de la chlorophylle (autour de 440 nm) est généralement préférable à l'utilisation classique d'une bande de référence située dans le proche infrarouge. En particulier, l'indice de végétation *mNDblue*, construit à partir des longueurs d'onde à 440, 728 et 850 nm et calculé sur les pixels de végétation les plus brillants, est significativement plus performant pour estimer la teneur en chlorophylle des feuilles (erreurs relatives inférieures à 10 %) comparativement à tous les autres indices de végétation testés.

Par cette méthode, l'exploitation de la résolution milli– à centimétrique permet d'exclure les pixels de sol pour le calcul des indices de végétation, tandis que l'utilisation des pixels verts les plus brillants permet de minimiser les effets liés à l'architecture des plantes. Par ces travaux, une seule image multispectrale, centimétrique et acquise en visée à la verticale, est suffisante pour caractériser chaque parcelle d'essais.

Spectroradiométrie

Pour enrichir la base des données expérimentales, les expérimentateurs ont également utilisé le spectroradiomètre Fieldspec (ASD) à partir de 2015. Même si cet outil ne permet pas d'accéder à des images, il présente l'avantage d'être rapide à mettre en œuvre sur le terrain pour une validation des résultats obtenus avec la caméra hyperspectrale. Les mesures ont été réalisées selon différentes inclinaisons de l'appareil. L'information obtenue en visée oblique, donc sans sol apparent, permet d'obtenir des résultats proches de ceux obtenus avec la caméra hyperspectrale sur les pixels de végétation.

Les méthodes de traitement des spectres reposaient sur le calcul d'indices de végétation ou sur l'inversion du modèle de transfert radiatif Prosail. Les mesures optiques furent réalisées à 1,50 m au-dessus du rang, permettant une résolution spatiale de l'ordre de 70 cm, et selon trois directions (une visée à la verticale et deux visées obliques).

Spectroradiomètre Fieldspec (ASD) utilisé pour la réalisation de mesures au champ selon différentes inclinaisons.



Les indices de végétation ont montré des résultats satisfaisants. En effet, de bonnes performances (erreurs relatives inférieures à 10 %) ont été obtenues pour l'estimation de la surface foliaire et du contenu en azote et chlorophylle des feuilles. Ces résultats résolvent ainsi le problème de sous-estimation de la surface foliaire rencontré avec la photogrammétrie pour les couverts les plus développés. Dans tous les cas, les performances obtenues avec les indices de végétation sont meilleures qu'avec la méthode d'inversion du modèle Prosail.

En conclusion de ces travaux exploratoires, les chercheurs ont montré qu'un seul capteur multispectral est suffisant pour caractériser la structure et la biochimie des feuilles de betterave grâce à l'utilisation d'indices de végétation. Fin 2015, le phénotypage haut débit par imagerie multispectrale a pu alors être envisagé.

Vers le phénotypage haut débit

Pour phénotyper 6 000 parcelles d'essais en une journée, le très haut débit s'imposait. Alors en plein essor, l'utilisation de caméras RGB et multispectrales embarquées sur drone apparut comme la meilleure solution, permettant d'acquérir suffisamment d'informations spectrales en un temps raisonnable. La caméra multispectrale Airphen (Hiphen) a été choisie pour la pertinence de ses six bandes spectrales comprises entre 450 et 850 nm.



Drone hexacoptère utilisé pour le phénotypage dans le cadre du programme AKER.



Dès 2016, les méthodes basées sur l'utilisation d'indices de végétation ont été appliquées sur des images acquises par une caméra multispectrale embarquée sur drone. À nouveau, de nombreuses données expérimentales ont été collectées entre 2016 et 2017 pour valider que les mesures acquises par drone permettaient d'obtenir des résultats similaires à ceux obtenus à partir des mesures au sol. L'exploitation de la résolution centimétrique des images multispectrales *via* le calcul d'indices de végétation permet ainsi de prédire correctement la quantité de chlorophylle et d'azote dans les feuilles.

(a) R^2 = 0,82 RMSEP = 0,42 m²/m² 9 %) — GAI estimé (m²/m²) / GAI réel (m²/m²)

(b) R^2 = 0,89 RMSEP = 0,34 m²/m² (8 %) — GAI réel (m²/m²)

(c) R^2 = 0,64 RMSEP = 0,23 g/m² (16 %) — CCC estimé (g/m²) / CCC réel (g/m²)

(d) R^2 = 0,91 RMSEP = 0,11 g/m² (8 %) — CCC réel (g/m²)

Résultats d'estimation des variables agronomiques à partir de l'imagerie multispectrale embarquée sur drone. GAI : surface foliaire ; CCC : quantité de chlorophylle à l'échelle du couvert. Les indices de végétation sont soit calculés sur les réflectances moyennes des microparcelles (a, c), soit à partir d'un sous-ensemble de pixels (b, d).



Ingénieur à l'ITB, Ghislain Malatesta est responsable du département Expérimentation et expertises régionales. Il a contribué à l'acquisition de données pour le phénotypage, notamment par drone, dans le cadre du programme AKER.

GHISLAIN MALATESTA, PILOTE DE DRONE

Ghislain Malatesta est pour ainsi dire né dans la betterave, plus précisément dans la ferme familiale située à Rouvres-en-Plaine (Côte-d'Or), à proximité de l'ancienne sucrerie d'Aiserey. Il a obtenu un BTS Productions végétales au lycée agricole de Dijon-Quétigny et a démarré sa carrière en 1993 à l'ITB sur le thème du syndrome des basses richesses.

Ghislain a contribué au phénotypage par l'acquisition de mesures et la mise en place d'expérimentations. Celles-ci ont permis de mettre au point la sonde racinaire non destructive Scio pour la mesure de la teneur en sucre, et la calibration des caméras RGB et hyperspectrales embarquées sur drone pour les mesures de la couverture foliaire. De ce fait, il a passé son brevet de pilote de drone, assorti d'un examen théorique ULM, et il maîtrise parfaitement l'outil. « Circuler avec mon drone sur l'ensemble de la zone betteravière me permet de rencontrer les collègues et de créer un lien transversal », précise-t-il.

Selon lui, le programme AKER a permis d'intensifier les relations entre les partenaires de la filière, notamment Irstea et l'ITB. « C'est une opportunité pour se rencontrer afin de bien se comprendre entre Public et Privé. » Son souhait : « Continuer à tester des techniques innovantes pour améliorer le rendement en sucre par hectare, et adapter à la parcelle chaque nouvelle variété qui sera issue du programme AKER. »

Pour toutes les variables agronomiques, les méthodes développées dans AKER, basées sur l'exploitation de la finesse de la résolution spatiale, permettent d'améliorer significativement les performances des estimations par rapport aux méthodes classiques de télédétection appliquées aux réflectances moyennées sur tous les pixels de chaque parcelle. Elles confirment ainsi les bons résultats obtenus au sol avec la caméra hyperspectrale.

Mesure de la richesse de la partie racinaire

La spectrométrie proche infrarouge est une découverte récente à fort potentiel dans les secteurs de l'agriculture et l'agroalimentaire, notamment pour ses caractères non destructif, rapide et peu coûteux.

Dans le cadre du programme AKER, un modèle a été développé pour prédire la richesse à partir d'un spectromètre posé sur la partie émergente des betteraves. Ce développement résulte d'une collaboration avec Irstea et plus particulièrement le laboratoire COMiC (Capteurs optiques pour les milieux



Sonde Plant probe (ASD) utilisée pour les tests exploratoires de la mesure de la richesse.

complexes) qui a apporté son savoir-faire en chimiométrie. Pour développer un tel système, les chercheurs ont mis en relation le spectre mesuré et la teneur en sucre de la betterave entière.

Premiers travaux exploratoires

Dans un premier temps, Irstea a mis au point une sonde basée sur la spectrométrie proche infrarouge. De 2012 à 2015, des milliers de spectres ont été acquis sur différentes variétés. Diverses configurations de sondes ont été testées : fibres optiques utilisées en endoscopie dans le secteur médical ou sondes de contact non invasives. Les chercheurs ont analysé 1 000 betteraves issues de 10 variétés différentes. Il en a résulté que les performances étaient meilleures avec une sonde de contact qu'avec une sonde invasive. La sonde commerciale Plant probe (ASD) a été utilisée au cours des tests avec le spectroradiomètre Fieldspec qui balaie une large gamme de longueurs d'onde de 400 à 2 500 nm.

Les résultats montrent également que la plage de longueurs d'onde pertinente pour estimer la richesse en saccharose se situe entre 740 et 1 070 nm.

Vers un spectromètre de poche

Le spectromètre Scio commercialisé par Consumer Physics remplit les exigences de gamme spectrale et présente l'avantage d'être léger pour une utilisation facile au champ. Il est couplé à une application smartphone permettant de lire les mesures spectrales des betteraves directement sur place.

À partir de 2017, de nombreux échantillons ont été analysés pour calibrer l'outil. Pour cela, l'ITB a réalisé des prélèvements de betteraves à différentes dates, de juin à novembre, sur plusieurs variétés soumises à des régimes azotés contrastés afin de disposer de la gamme de variations la plus large possible dans le jeu de données de calibration.

Pour chaque betterave, une mesure a été réalisée avec le spectromètre, et la richesse de référence de la betterave entière a été mesurée au laboratoire par la technique classique de saccharimétrie. L'ITB a ainsi obtenu 474 données en 2017, 290 en 2018 et 150 en 2019. La base de données a dissocié un jeu de données de calibration et un de validation. Un modèle PLS (*Partial Least Squares*) a été développé sur les données de calibration pour relier le spectre obtenu à la richesse de chaque betterave.



Spectromètre Scio pour l'analyse de la richesse de la betterave.

Les résultats de validation montrent une erreur de 0,98 point de richesse pour une mesure faite à l'échelle d'une seule betterave, sachant que la gamme de variation de la teneur en sucre oscille entre 15 et 22 % dans le jeu de données disponibles. La précision s'améliore quand le nombre de betteraves mesurées augmente. Ainsi, pour 25 betteraves, l'erreur moyenne sur la richesse passe à 0,2 point, ce qui correspond à une différence significative de richesse entre deux variétés comparées sur un même site.

AKER, un incubateur de conseils personnalisés

Le conseil technique se professionnalise, à l'image de l'évolution que connaît le secteur médical. Le médecin généraliste n'est plus tant un thérapeute qu'un analyste de données, un aiguilleur vers les spécialistes. D'où l'importance de la médecine préventive…

Ainsi, AKER est un programme qui va profiter à l'amélioration des performances de la betterave par l'obtention d'un matériel génétique de qualité

FABIENNE MAUPAS : « AKER M'A FAIT ÉVOLUER »

Originaire de Normandie, proche du monde agricole, Fabienne Maupas est ingénieure agronome issue d'Agrocampus Ouest à Rennes. Elle travaille à l'ITB depuis quinze ans où elle a, dans ses débuts, étudié des modèles de culture et la caractérisation des stresses abiotiques (eau, azote).

« Il a fallu s'investir à fond, rappelle Fabienne, pour animer les travaux de phénotypage dans le domaine de la semence et des plantules d'une part, et de la plante au champ d'autre part », ce qui représentait 60 % du budget d'AKER et mobilisait une trentaine de chercheurs. Elle explique combien le programme l'a fait évoluer : « AKER nous apporte de nouvelles perspectives dans notre travail d'expérimentation pour comprendre les composantes du rendement. Il a vraiment changé nos méthodes de travail, on innove différemment, c'est passionnant. »

Fabienne poursuit : « Au cours du programme, j'ai senti qu'on pouvait s'approprier une partie des outils de travail des chercheurs, et il y a eu une montée en puissance des compétences : plus les chercheurs s'y intéressent, plus on peut progresser. » Un transfert de compétences a également eu lieu, que Fabienne a voulu acquérir au cours du programme pour pouvoir les valoriser ensuite. Elle poursuit sur cette idée pour conclure : « Il y a une course à l'innovation technologique. On n'a pas envie de s'arrêter là. On continuera au-delà du programme AKER. »



Impliquée dans le phénotypage, Fabienne Maupas, ingénieure agronome à l'ITB, estime que le programme AKER l'a fait évoluer parce qu'il a changé les méthodes de travail.



Le programme AKER va offrir aux agriculteurs et à leurs techniciens un conseil personnalisé.

supérieure, mais il va également fournir des publications, des tableaux de bord, des modèles à tous les prescripteurs, collaborateurs de l'ITB (Institut technique de la betterave) et techniciens des services agronomiques des sucreries. Les outils et méthodes de diagnostic et d'évaluation, tout comme la connaissance des gènes et des mécanismes sous-jacents, sont autant de moyens de consolider les structures de développement existantes, mais aussi d'apporter à leurs collaborateurs une formation continue et une possibilité d'évolution forte.

Au-delà de la sphère des prescripteurs, le programme AKER va offrir aux utilisateurs agriculteurs betteraviers un conseil personnalisé, un accompagnement agronomique pour que le nouveau matériel génétique proposé puisse exprimer au mieux son potentiel. Il va leur apporter également des outils d'aide à la décision. À titre d'exemple, la sonde de contact racinaire Scio miniaturisée est déjà disponible pour l'agriculteur, qui pourra mesurer très facilement et en direct la teneur en sucre de ses betteraves de façon non destructive. D'une manière générale, les outils de phénotypage seront à disposition de la filière betterave, avec une montée en puissance progressive.

LE PROGRAMME AKER VA-T-IL SATISFAIRE LES ATTENTES DE LA FILIÈRE BETTERAVE ?



Vincent Laudinat, directeur général de l'ITB, président du Comité interprofessionnel du programme AKER, fait le point sur l'adéquation entre les attentes de la filière et les résultats obtenus.

« La filière betteravière attend beaucoup du programme AKER. Il s'agit évidemment d'améliorer la compétitivité de la betterave dans le respect de l'environnement, mais aussi de développer l'usage de technologies porteuses de nouvelles solutions agronomiques ou encore d'accroître la portée collaborative des travaux entrepris. La mission est remplie sur tous ces points !

Avant tout, les résultats génomiques d'AKER promettent l'arrivée de matériel génétique nouveau, source de progrès significatifs en termes de rendement et de résistance aux maladies. Ils permettront d'accroître la productivité tout en limitant l'usage des produits phytosanitaires.

De plus, cette connaissance inédite et fine du matériel génétique permettra de répondre aux défis du futur déjà anticipés (nouvelles maladies, évolutions réglementaires, évolution climatique, etc.) en un temps réduit. Créer des variétés adaptées à ces changements sera plus rapide !

Le programme AKER, c'est aussi l'intégration de hautes technologies dans la filière : génétique, numérique, bio-informatique… Ces outils et méthodes permettent de développer de nouvelles solutions agronomiques pour des réponses plus rapides grâce au haut débit et plus précises grâce à l'augmentation du nombre d'indicateurs : outils d'aide à la décision (OAD), outils de phénotypage, mesures au champ non destructives, etc.

Près d'une centaine de collaborateurs, issus de l'ensemble de la filière betterave sucrière française et de la recherche publique et privée, se sont fédérés pour faire aboutir le programme AKER. Il contribue, en direct ou par les retombées de ses multiples autres travaux de recherche, à renforcer la filière et à lui assurer sa pérennité. Son modèle de collaboration servira à mettre en place d'autres projets de grande envergure à long terme ; son modèle de recherche aidera également d'autres secteurs de l'agriculture à progresser. »




Du matériel
génétique
nouveau



Doubler le rythme de croissance annuelle du rendement

Dès 2012, le programme AKER a affiché son objectif : « améliorer la compétitivité de la betterave à l'horizon 2020 en doublant le rythme de croissance annuelle de son rendement en sucre par hectare ».

Un changement de paradigme

Le programme AKER correspond à un changement de paradigme dans le domaine de la recherche et de la sélection betteravière, sous-tendu par deux affirmations : AKER fait de la prédiction ; et il gère la variabilité génétique.

On ne fait plus de la sélection *a posteriori*, mais *a priori*. Dans le déroulement du programme, le génotypage est effectivement arrivé avant le phénotypage. Auparavant, on évaluait les plantes au champ et on s'aidait ensuite de la génétique. À présent, on commence par utiliser la génétique, et on évalue ses résultats *a posteriori*. Cela conduit à faire de la prédiction en travaillant sur des modèles. D'où l'importance de la bio-informatique, discipline incontournable dans AKER.

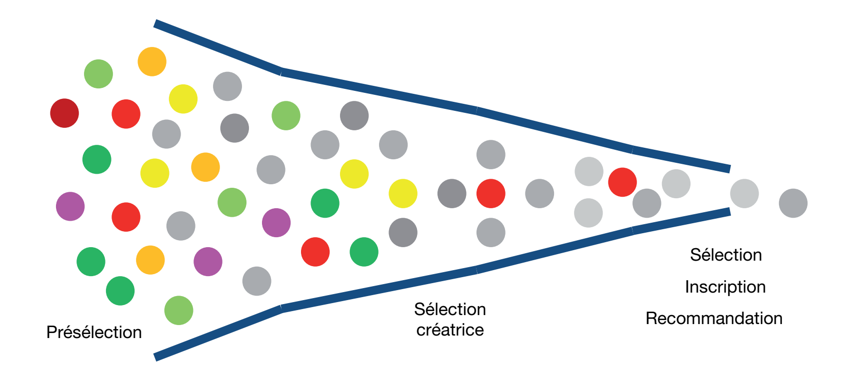
Le programme gère la variabilité en allant rechercher la diversité à travers les 10 000 ressources génétiques disponibles, pour aboutir au choix des seize plantes de référence représentatives de cette diversité. La démarche consiste à rechercher, incorporer, organiser, valoriser la variabilité, à faire en sorte qu'elle soit toujours disponible pour réagir et faire face à de nouvelles contraintes.

En réalité, il s'agit de maintenir la diversité dans une vision dynamique et durable de son utilisation. Cette démarche s'effectue en déployant toutes les techniques modernes mises à disposition des chercheurs. Le programme AKER offre ainsi un potentiel de diversités : celles qui sont utiles dès à présent et celles qui sont neutres, voire avec un coût métabolique, mais qui pourront être utiles plus tard afin de répondre à de nouvelles questions qui ne manqueront pas de se poser, comme les résistances à certains bioagresseurs.

Diminuer par deux le temps de la sélection

Demain, il faudra répondre à des objectifs nouveaux (apparition d'une nouvelle maladie, nouveau cadre réglementaire, nouveaux débouchés, etc.) en le moins de temps possible. L'objectif du programme AKER est de diminuer par deux ce temps de « réactivité ». D'une part, AKER a bénéficié de techniques permettant d'aller plus vite dans la sélection. Ainsi, la technique « graine à graine », prônant un cycle court en conditions hors-sol contrôlées sous serre (vernalisation, induction, croisements), a permis de déployer le programme de sélection en cinq ans au lieu de dix ans. D'autre part, AKER offre lui-même les moyens de raccourcir les schémas de sélection, notamment avec la sélection génomique qui devrait permettre de réduire le cycle de sélection d'une année sur les cinq actuellement nécessaires, soit 20 %, pour obtenir une nouvelle variété.

AKER gère la variabilité : élargir l'entonnoir pour ensuite le raccourcir.



QUELLE EST LA CONTRIBUTION DU PROGRAMME AKER AU MÉTIER DE SÉLECTIONNEUR ?

« AKER est un exemple de méthodologie originale d'utilisation des ressources génétiques, du choix des accessions par les outils moléculaires, leur évaluation par des protocoles de phénotypage innovants, jusqu'à leur utilisation dans la sélection génomique. De nouvelles sources de variation sont ainsi identifiées et utilisées, ce qui devrait contribuer à augmenter le progrès génétique. Les résultats de ce programme auront des conséquences bien au-delà de l'amélioration de la betterave sucrière. »

André Gallais, professeur honoraire de génétique et d'amélioration des plantes à AgroParisTech, membre de l'Académie d'agriculture de France

Facteurs entrant en ligne de compte

Le doublement du rythme de croissance annuelle du rendement en sucre par hectare est la conséquence d'un certain nombre de facteurs. Citons la variabilité qui permet de détecter de nouveaux gènes intéressants, la vitesse de sélection améliorée grâce à la sélection génomique, l'optimisation du phénotypage.

On peut formuler un certain nombre d'hypothèses chiffrées quant à la contribution de ces facteurs qui interviennent dans le doublement du rythme de croissance annuelle du rendement en sucre par hectare, pour passer schématiquement de 2 à 4 % :

- la sélection génomique doit permettre de réduire le cycle de sélection d'une année sur cinq, soit 20 %, ce qui fait passer la croissance annuelle du rendement de 2 à 2,4 % ;
- la sélection génomique doit également augmenter la « puissance de feu » de la sélection : la prédiction à 75 % permet d'augmenter le matériel à sélectionner pour une même efficacité. Par exemple, avec 50 % de matériel criblé en plus, ce qui aboutit à une efficacité augmentée de 30 %, la croissance annuelle du rendement augmente de 0,6 %. Ce gain cumulé au précédent permet d'atteindre les 3 % ;
- enfin, la diversité génétique est globalement doublée (16/40). En effet, la diversité totale de la betterave est concentrée dans 40 plantes de référence, ce qu'en génétique on désigne sous le terme de taille efficace, alors que celle non utilisée (utile ou non) et non incluse dans le matériel cultivé est concentrée dans seize plantes. On peut donc estimer que l'on aura dorénavant un réservoir de diversité égal au double de celui qui est utilisé et gagner ainsi 50 %, soit 1 % de progrès en plus par rapport aux 2 % initiaux.

On arrive donc aux 4 % de croissance annuelle du rendement, sans compter l'apport indirect des outils de gestion comme la connaissance génomique ou le phénotypage haut débit qui permettent de consolider le progrès en le rendant plus prédictible, moins risqué, plus sûr face à de nouvelles cibles de sélection. C'est aussi sans compter sur les progrès que le phénotypage pourra apporter aux techniques de production. Mais cela est un autre sujet qui pourra se traduire dans d'autres projets…

Schéma général du programme AKER

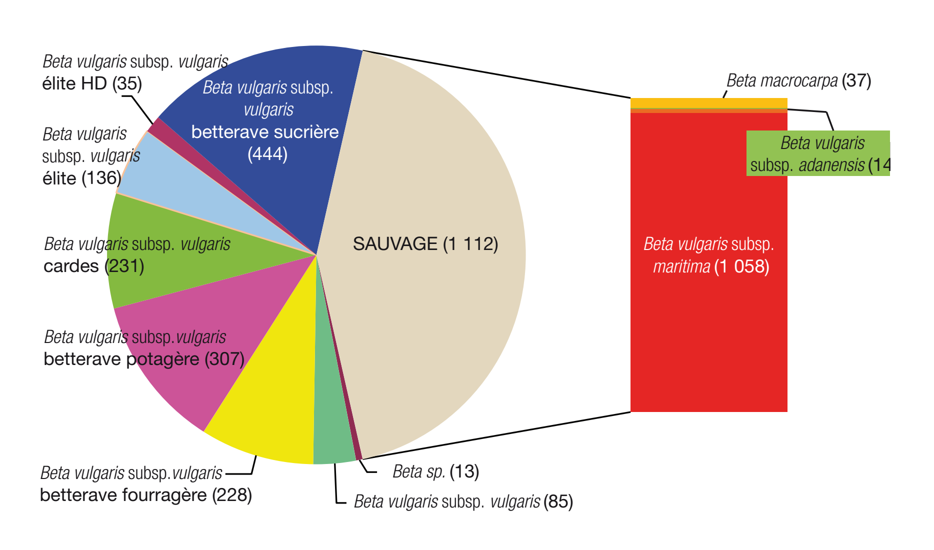
Au départ, le programme AKER a recensé 46 banques de gènes possédant du matériel génétique pour l'espèce betterave à travers le monde. On a analysé 10 000 accessions, 3 000 ont constitué la collection de référence et 16 plantes ont été retenues en final.

Collection de référence

La variabilité allélique de la betterave est conservée essentiellement à travers deux réseaux internationaux : Grin-Ars et Eurisco[3]. Le premier, Grins-Ars, situé aux États-Unis, collecte et multiplie les ressources génétiques ; il est disponible pour l'utilisateur *via* Internet. Le second, Eurisco, implanté en Europe, recense les collections de toutes les espèces du genre *Beta* ; il redirige l'utilisateur vers l'organisme détenteur.

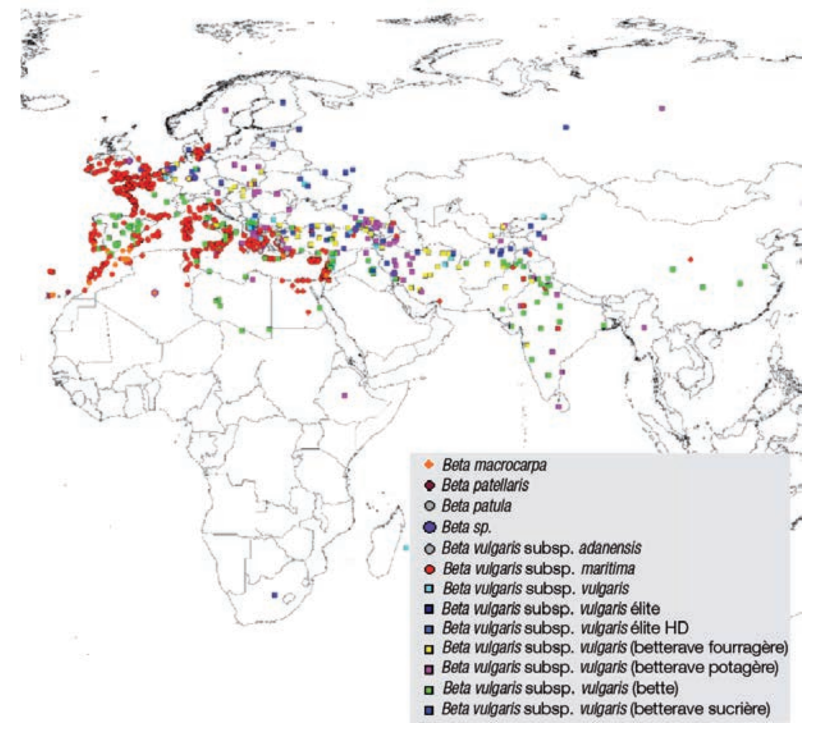
AKER A PRIS EN COMPTE LE GROUPE 1

La betterave appartient au genre *Beta* qui comprend quatre sections, dont trois sont exclusivement composées de betteraves sauvages/exotiques. La quatrième section englobe des betteraves cultivées (sucrières, fourragères, potagères) et des betteraves sauvages/exotiques. Ces dernières sont essentiellement les betteraves maritimes (*Beta maritima*) situées sur les côtes européennes, autour du bassin méditerranéen et en remontant jusqu'aux pays baltes et à l'Angleterre. On y trouve, dans une moindre mesure, les betteraves *Beta adanensis* et *Beta macrocarpa*. Cette section constitue le groupe 1 auquel le programme AKER s'est intéressé en raison de la faculté de croisement de ces betteraves.



Répartition par type des 10 000 plantes disponibles dans le groupe 1.

3 www.ars-grin.gov et www.eurisco.ecpgr.org.

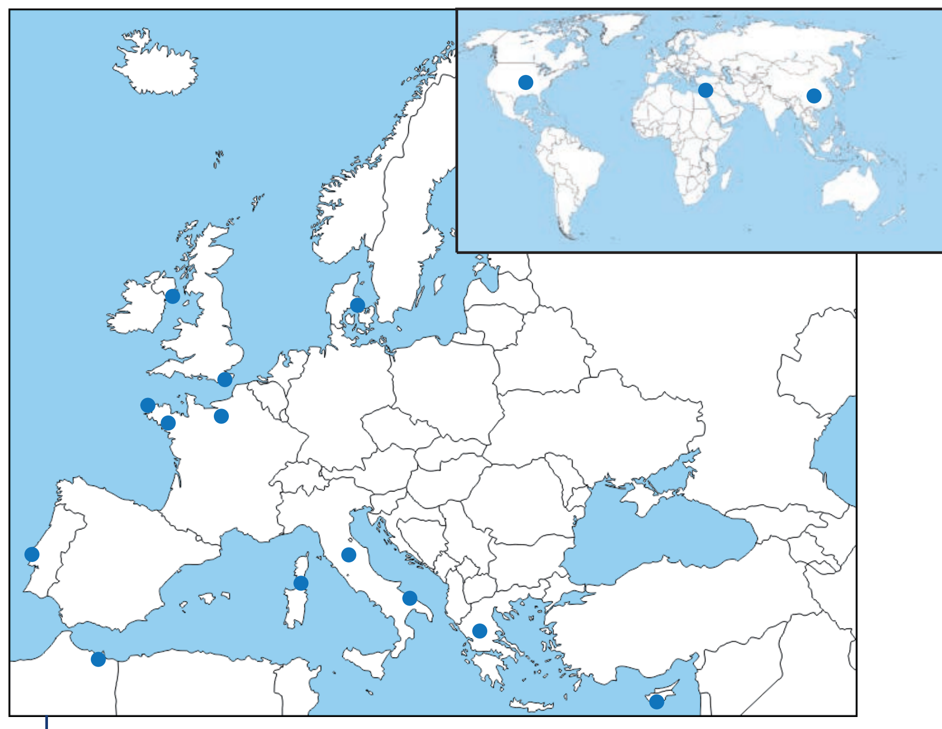


Répartition géographique des 3 000 plantes sélectionnées.

On estime à 20 000 accessions (sachets de semences différentes ayant une faculté germinative satisfaisante) la ressource potentiellement utilisable. La première tâche du programme AKER a consisté à recenser ces accessions disponibles à travers le monde, à noter leurs données passeport et leur qualité germinative afin de caractériser la diversité naturelle. Au final, 10 000 accessions ont été retenues.

L'inventaire et l'analyse des 10 000 accessions disponibles ont permis d'en sélectionner 3 000 sur la base d'un échantillonnage réalisé par représentation géographique pour les betteraves sauvages/exotiques, et par représentation proportionnelle pour les betteraves cultivées (sucrières, fourragères, potagères). Ces 3 000 accessions retenues ont constitué la collection de référence.

Enfin, après une analyse génétique réalisée dans cette collection de référence, le programme AKER a sélectionné seize plantes de référence. Conformément aux hypothèses formulées au départ, ces seize plantes de référence couvrent 100 % de la variabilité allélique disponible au sein du genre *Beta* et complémentaire des ressources génétiques déjà utilisées actuellement en sélection. L'ensemble des plantes de référence constitue par conséquent un échantillon représentatif de la richesse génétique totale.



Répartition géographique des seize plantes de référence.



Collection des seize plantes de référence.

Création du matériel génétique

L'objectif du schéma de création du matériel génétique AKER est de « pulvériser » des morceaux d'ADN exotique porteurs de variabilité au moyen de croisements successifs dans le matériel élite.

Dès 2013, les seize plantes de référence ont été croisées avec du matériel élite afin d'introgresser, c'est-à-dire introduire de façon naturelle par croisement, de nouveaux allèles d'origine exotique.

En 2014 et 2015, les croisements F_1 (*F = filial generation*) obtenus (élite × exotique) ont été rétrocroisés successivement par l'élite. L'objectif des rétrocroisements était d'augmenter la part de l'élite, tout en gardant des morceaux de la plante exotique. À chaque génération, 100 000 plantes ont été produites. L'analyse moléculaire permettait d'en choisir 450 qui allaient servir aux croisements pour la génération suivante.

En 2016, est intervenue la fixation des plantes issues de croisements par autofécondation. Ont été ainsi semées en serre 250 000 plantes pour en sélectionner 3 000 pour la suite du programme.

Enfin, en 2017, ont été pratiquées des hybridations au champ sur une même plante femelle de manière à représenter la variabilité des 3 000 génotypes mâles. Les hybrides obtenus furent ensuite phénotypés en 2018 et 2019.

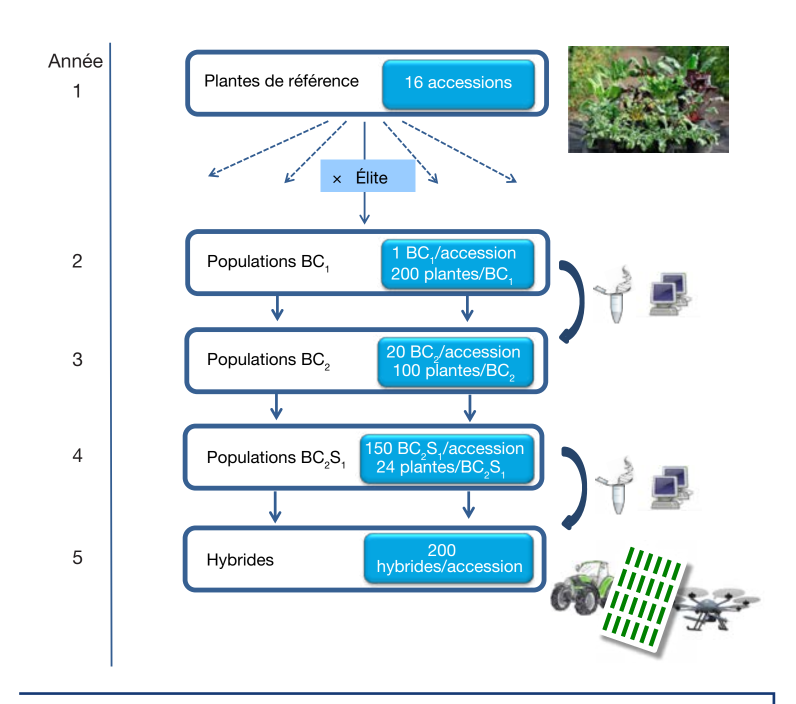


Schéma de création du matériel génétique AKER.



Consciente de son implication dans la réussite du programme AKER, Karine Henry a récolté des accessions en provenance du monde entier, en a sélectionné seize et réalisé les croisements avec le matériel élite.

KARINE HENRY : AU COMMENCEMENT... IL Y AVAIT 16 PLANTES DE RÉFÉRENCE

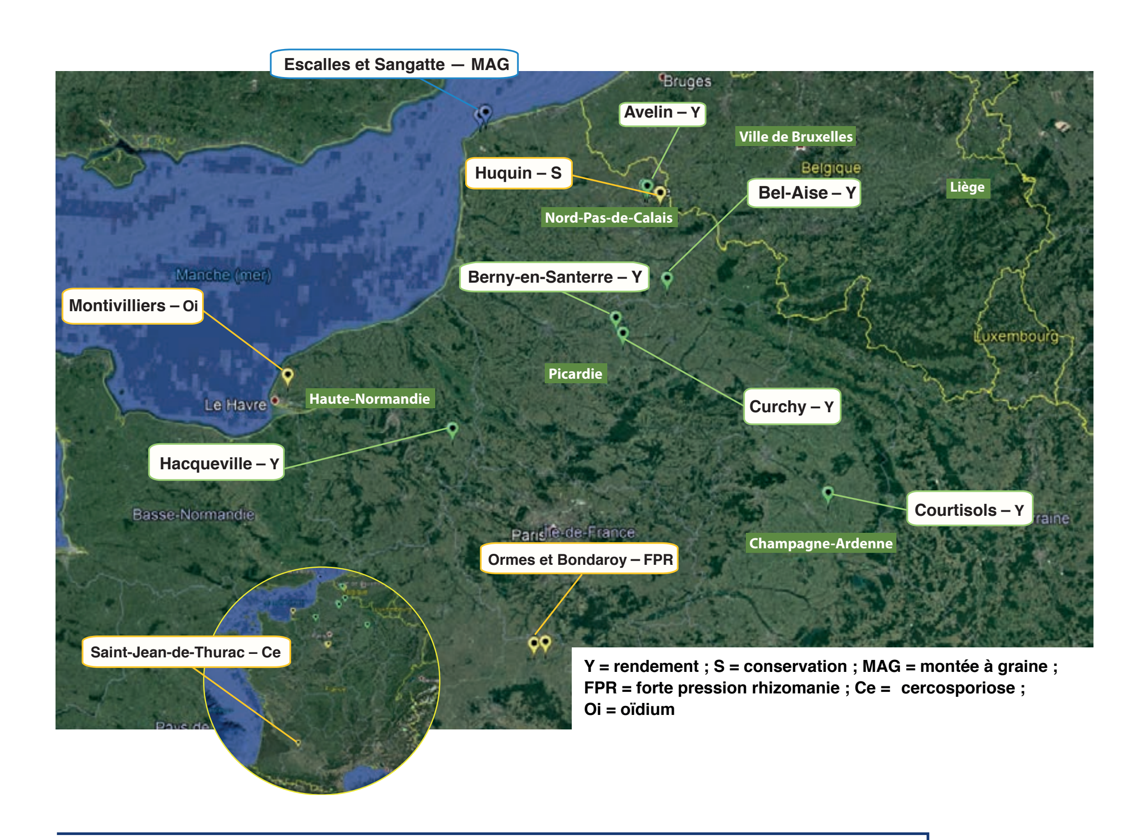
Ingénieure AgroParisTech (INA-PG), avec une spécialisation Amélioration des plantes en poche, Karine Henry a démarré sa carrière chez Florimond Desprez où elle est sélectionneuse betteraves et chicorée. Elle explique : « Nous avions la certitude dès le départ qu'avec seize accessions, ou plantes de référence, on couvrirait 100 % de la variabilité allélique disponible au sein du genre *Beta*, complémentaire du *germ plasm* (matériel génétique) utilisé actuellement. »
Directrice scientifique du programme AKER, Karine a pratiqué elle-même dès 2013 les F_1 des seize accessions avec le matériel élite, aidée de ses techniciennes. « C'est un travail stressant, il ne fallait pas se louper ! » se souvient-elle. Par la suite, le programme de sélection était bien chargé jusqu'à la production des hybrides, sans parler des 350 000 prélèvements d'ADN en cours de programme.
Karine Henry n'hésite pas à affirmer : « Le choix des seize plantes de référence est au cœur du programme AKER, et c'est ce qui va permettre de créer du nouveau matériel génétique performant. » Pari en passe d'être gagné !

Critères d'évaluation des 3 000 hybrides

Le phénotypage des 3 000 hybrides issus du programme de sélection AKER – croisements des seize plantes de référence avec du matériel élite, rétrocroisements en deux générations avec le matériel élite, autofécondations puis hybridations – a été réalisé en 2018 et 2019 sur la base d'un certain nombre de critères d'évaluation.

Le rendement en sucre blanc par hectare

Le rendement en sucre blanc par hectare de la betterave est la résultante du poids de sa racine (rendement racine) et de sa teneur en sucre blanc. Ces essais rendement ont été conduits par Florimond Desprez sur six plateformes réparties dans le Nord – Bassin parisien. Ils ont été implantés en deux répétitions sur 34 000 parcelles en 2018 et 22 600 parcelles en 2019. Chacune d'elles a une superficie de 10 m² et comprend environ 100 betteraves. L'arracheuse ABC (arracheuse betterave chicorée) créée et dédiée au programme AKER permet de mesurer le poids des racines directement au champ. Un échantillon de râpure représentatif des racines de chaque parcelle est surgelé dans l'ABC, puis stocké à – 25 °C pour être ensuite analysé au laboratoire.



Localisation des essais de phénotypage au champ conduits dans le cadre du programme AKER.

SUCRE BRUT, SUCRE BLANC

Le sucre blanc est issu du sucre brut contenu dans la betterave après extraction lors du processus de fabrication en sucrerie. En effet, la betterave contient des éléments mélassigènes (sodium, potassium et azote alpha-aminé), impuretés qu'il convient d'éliminer.
L'opération s'effectue en sucrerie par épuration calcocarbonique : une adjonction successive de lait de chaux (à base de pierres calcaires), puis de gaz carbonique, forme un précipité qui fixe les impuretés.
Ainsi, le rendement en sucre blanc est la résultante du travail de l'agriculteur betteravier et de l'industriel sucrier. La génétique est au service de l'un et de l'autre avec un souci de productivité et de qualité.



Semis des essais de phénotypage au champ.

La dynamique de croissance

Deux plateformes d'essais rendement ont été suivies par l'ITB avec un drone pour estimer la cinétique des variables suivantes de la canopée : taux de couverture, surface foliaire, quantité de chlorophylle et quantité d'azote dans les feuilles. Quatre séquences de mesures ont été réalisées de mai à juillet.

La montée à graine

La betterave est une plante bisannuelle. Elle se reproduit « normalement » durant la deuxième année de végétation. La montée à graine est provoquée par la vernalisation (période de froid subie par une plante nécessaire pour la faire passer du stade végétatif au stade reproductif). Un semis très précoce permet d'exprimer cette montée à graine, et donc de caractériser les génotypes et d'éliminer les plus sensibles à ce caractère.

Ces observatoires ont été implantés et suivis par Florimond Desprez sur deux plateformes situées sur la côte d'Opale. Des semis denses ont eu lieu à la mi-février sur 5 700 parcelles en 2018 et 2 100 parcelles en 2019.

Un comptage initial des populations, puis trois dénombrements des plantes montées (fin juin, juillet, août) ont permis de définir le pourcentage de montées et de caractériser ainsi la résistance des génotypes étudiés.

Les maladies foliaires

La tolérance/résistance à la cercosporiose et à l'oïdium, les deux principales maladies foliaires de la betterave, constitue un point d'attention pour l'obtention de nouveau matériel génétique performant. Cette préoccupation se situe dans un contexte de réduction/suppression des produits phytosanitaires, et des fongicides en particulier.

Les observations ont été conduites en parcelles d'essais et le comportement des génotypes intéressants a été confirmé ultérieurement à plus grande échelle :

- pour la cercosporiose, dans le Sud-Ouest, après inoculation artificielle sur 2 850 parcelles, avec un phénotypage par imagerie multispectrale embarqué sur un drone, développé et réalisé en partenariat avec la société Hiphen ;
- pour l'oïdium, en Normandie, sur 2 850 parcelles en conditions naturelles, avec une notation intégrative.

Plateforme de phénotypage suivie par drone.



DU RENDEMENT À LA COMPÉTITIVITÉ

Le rendement en sucre blanc par hectare est la résultante d'un certain nombre de critères de sélection. Il est donc naturel que le programme AKER s'intéresse à toutes les composantes de ce rendement. Il s'agit aussi bien de la précocité de levée permise par la résistance au froid de la graine, de l'adaptation de la plante aux conditions sèches en cours de végétation, que de la résistance aux maladies par le biais des gènes de tolérance, de l'absorption et de l'optimisation de l'azote dans le cycle de végétation, etc. L'objectif est d'être plus productif, mais aussi de l'être dans un maximum d'environnements différents et avec le minimum d'intrants.

La sélection traditionnelle s'est longtemps concentrée sur le critère de la productivité par hectare. Il convient maintenant d'aller plus loin avec le programme AKER en sélectionnant une betterave qui réponde au souci de robustesse de la productivité à travers tous les critères qui y contribuent directement ou indirectement.

Ainsi, le rendement est un des critères de la productivité qui, elle-même, est au service de la compétitivité, devenue le maître-mot du programme : « l'innovation compétitive ».

Récolte des essais de phénotypage au champ avec l'arracheuse ABC.



Par ailleurs, la tolérance à la forte pression rhizomanie (FPR) est devenue un défi pour les sélectionneurs depuis que la résistance monogénique à la rhizomanie conférée par le gène *Rz* a été contournée dans certaines situations dites « FPR ». Le comportement des hybrides AKER a également été évalué dans le centre de la France, sur 6 900 parcelles en 2018 et 2 300 parcelles en 2019, en observation mortalité/survie afin d'identifier de nouvelles sources de résistance à la rhizomanie.

La conservation

L'allongement des durées de campagne betteravière – conséquence de la suppression des quotas et de l'amélioration de la productivité des outils industriels de transformation – a des incidences sur le besoin de qualité de conservation des racines après arrachage et avant transformation en sucrerie. Florimond Desprez a mis au point une méthodologie prédictive de cette qualité de conservation par des analyses de résistance physique. À cet effet, 5 700 parcelles en 2018 et 3 000 parcelles en 2019 ont été implantées dans le Nord.

NICOLAS HENRY : AKER, UN EXPLOIT TECHNIQUE

Nicolas Henry a toujours été intéressé par la biologie végétale. Originaire d'Anjou, il a été maître ès sciences de l'université d'Angers en biophysiologie appliquée aux productions végétales, avant d'intégrer AgroParisTech (INA-PG) où il obtient un diplôme d'agronomie approfondie Ingénierie des productions végétales. Il arrive alors chez Florimond Desprez.
« Environ 20 % du budget du Laboratoire betteraves et chicorée ont été consacrés au programme AKER en année normale, plus du tiers en 2018 lors de la première année du phénotypage ! », explique Nicolas. « Notre service a contribué largement au programme en ayant recherché, introduit, développé, testé le nouveau matériel génétique. » Il aura ainsi géré 63 000 parcelles d'essais en 2018 et 32 000 en 2019.
La pression a été forte. « La crainte de l'échec était réelle vu les attentes de la filière, et je me devais d'encourager mes collaborateurs », poursuit Nicolas. Selon lui, « AKER est un exploit technique qui passe par des collaborateurs motivés, en premier lieu Christophe Descamps, responsable du service agronomique, réalisant un superbe et énorme travail, et par des investissements conséquents ».
Pour Nicolas, l'intérêt d'AKER passe par la démarche originale du programme, par des thématiques qui n'auraient jamais été traitées, et par des rencontres qu'il n'aurait jamais eu l'occasion de faire. « Nous espérons contribuer à améliorer la compétitivité de la filière betterave face à la canne, et celle de Florimond Desprez qui est au service de la filière. »



Pour Nicolas Henry, directeur du Laboratoire betteraves et chicorée chez Florimond Desprez, le programme AKER était un défi, une véritable aventure humaine.

Résultats obtenus

Les résultats génétiques du programme AKER, analysés sur l'année 2018 et en cours de confirmation sur 2019, apportent des avancées significatives sur les critères rendement et richesse, mais plus encore sur les maladies et la montée à graine. Ces avancées ont été vérifiées par l'analyse des QTL (*Quantitative Trait Loci*). Les résultats obtenus sont source de stabilité pour la culture de la betterave et pour la filière dans son ensemble.

Analyse de la valeur génétique

Les résultats des essais de phénotypage des 3 000 hybrides issus du programme de sélection, réalisés en 2018, ont été dépouillés au cours de l'hiver de cette même année. Une analyse statistique classique a été réalisée avec l'aide de différents logiciels sur 13 populations de référence, constituées chacune de 200 génotypes. Il s'agissait d'une analyse spatialisée de la valeur moyenne du rendement en sucre par hectare (poids racine, richesse en sucre, impuretés). En parallèle, a été observée la sensibilité de ces populations à différentes maladies – cercosporiose, oïdium, forte pression rhizomanie (FPR) – ou encore la montée à graine. Les données ont été comparées au témoin génétique, car c'est bien ce matériel génétique, résultat de rétrocroisements sur une variété élite, qui sert de témoin. Le ou les fragment(s) exotique(s) modulent ainsi l'expression génétique de ces témoins génétiques et donnent des phénotypes révélateurs de ces effets (positifs, négatifs ou neutres) sur le caractère mesuré. On peut ainsi mettre en évidence de la ressource génétique utile, bénéfique ou toxique.

En parallèle, les sélectionneurs font également des comparaisons avec des témoins commerciaux, c'est-à-dire les variétés les plus cultivées aujourd'hui (2018-2019). Ces dernières sont le résultat du progrès génétique réalisé par la sélection traditionnelle alors que, pour le programme AKER, les rétrocroisements ont été réalisés avec du matériel élite ou commercial de 2012. La différence est donc importante (1 % de progrès génétique par an en moyenne).

La spatialisation prend en compte la position des parcelles dans l'essai (valeurs corrigées par rapport au voisinage mais aussi à l'hétérogénéité résiduelle du champ d'expérimentation) ou entre essais. Cela permet de distinguer des effets lieux mais également, comme l'expérimentation est conduite sur deux ans, des effets années (effet du climat). L'ensemble participant à l'effet E ou environnement.

La valeur génétique (G) va donc être évaluée par sa valeur phénotypique (P), c'est-à-dire son expression dans un environnement (E) (ou un groupe d'environnements) donné(s). Cela se résume dans la formule suivante :

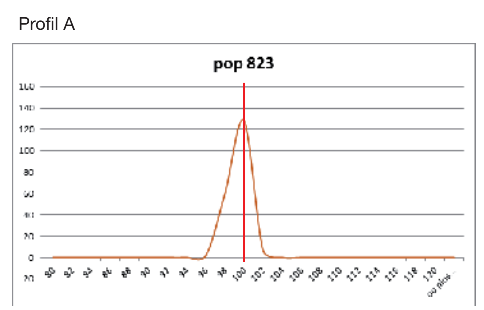
$$P = G + E + (G \times E)$$

($G \times E$) étant l'interaction génétique-environnement.

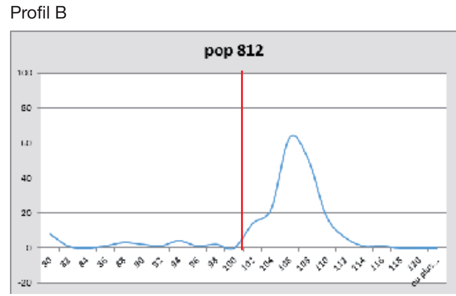
Résultats du phénotypage

Le premier travail consiste en l'observation de la distribution des valeurs phénotypiques des individus des treize populations de référence par rapport aux témoins génétiques. Les données sont représentées par critère. On attend pour des critères quantitatifs, comme le rendement, une courbe de Gauss centrée sur une moyenne, avec une valeur minimale et une valeur maximale. Les profils obtenus sont différents suivant les critères, mais aussi selon la valeur du matériel élite de départ qui sert de témoin. Le matériel élite, par exemple, démontrait une très bonne richesse en sucre, résultat de la sélection. Cette teneur est proche d'un seuil physiologique : la teneur en sucre ne peut en effet pas excéder certaines valeurs, les cellules ne supportant pas des teneurs trop élevées. C'est ce que l'on définit par la pression osmotique, pression exercée sur la membrane cellulaire liée à la concentration de solutés.

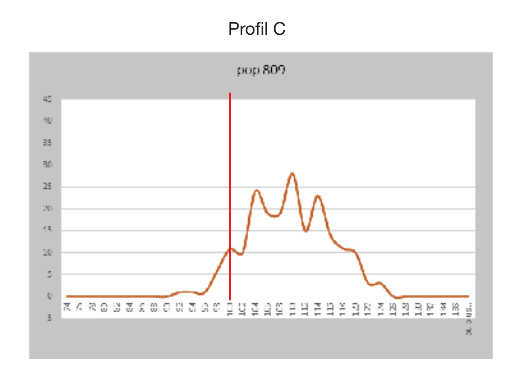
Profil A



Profil B



Profil C



Exemple des différents profils observés selon le critère phénotypé.
A : teneur en sucre ;
B : rendement en sucre/ha ;
C : résistance au *cercospora*.

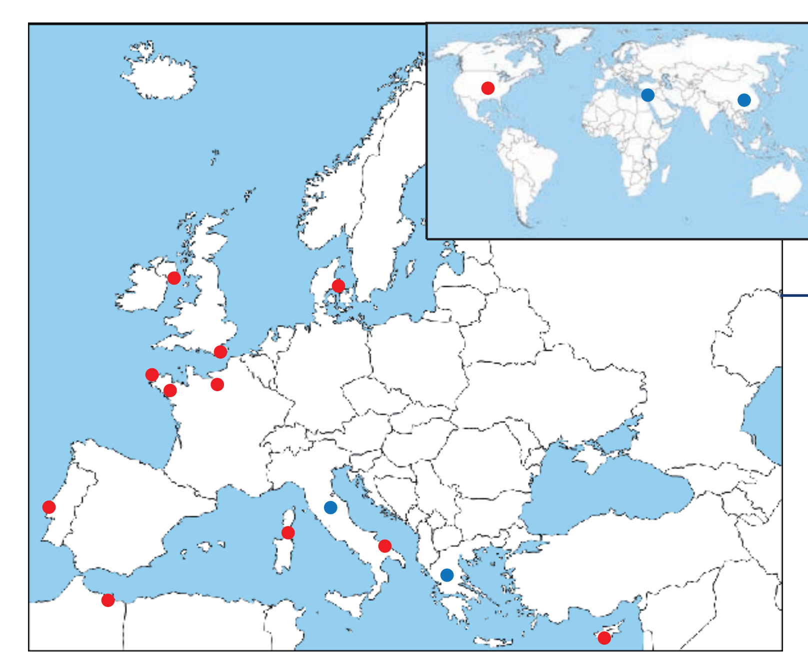
Si l'on observe la courbe de variabilité pour ce caractère, l'effet attendu est négatif (la moyenne est en-deçà des témoins élites) et les maxima sont très légèrement supérieurs aux élites. En d'autres termes, les ressources exotiques font régresser la valeur des betteraves sucrières cultivées et de rares fragments d'exotiques apportent une amélioration qui demeure, dans tous les cas, relativement faible car limitée par le seuil physiologique. Pour le caractère rendement, on se situe apparemment encore bien en-deçà d'un plafond. La variabilité est forte et on peut observer des individus portant de forts gains. La distribution est large et très proche d'une distribution normale (courbe de Gauss) démontrant l'existence de très nombreuses régions génomiques impliquées. Pour le sélectionneur, la potentialité du programme AKER est ici clairement évidente.

Un troisième type de profil peut également être observé : des distributions bimodales, c'est-à-dire des courbes en dos de chameau. C'est notamment le cas pour les distributions de notes de maladie. Ces variations sont révélatrices de fragments exotiques à effets plus forts et d'une discontinuité dans l'expression de la variabilité. Le caractère est sous influence de quelques régions génomiques seulement.

Si tous ces résultats donnent une première image de la variabilité utile, il faut cependant regarder plus précisément pour distinguer celle qui le sera

	Nom	Année	Pop.	WSY com.	WSY génet.	%S com.	THA com.	ADPC_NDVI2	ADPC_ERI	BOLT_CBN	BOLT_SAN
A	AKER1	2018	pop 807	105.21	110.52	98.94	106.19	98.50	8.14	0.14	0.09
A	AKER2	2018	pop 812	105.06	110.37	96.09	109.67	106.17	8.56	0.24	0.19
	AKER3	2018	pop 815	104.42	109.70	99.89	104.41	100.22	6.86	0.12	0.04
	AKER4	2018	pop 815	104.17	109.44	99.99	104.09	101.19	8.60	0.20	0.08
B	AKER5	2018	pop 808	104.07	109.33	97.44	106.61	108.05	7.85	0.07	0.10
B	AKER6	2018	pop 815	104.02	109.27	99.68	104.29	107.96	6.85	0.07	0.10
	AKER7	2018	pop 812	103.98	109.23	95.33	109.31	102.90	8.61	0.11	0.18
	AKER8	2018	pop 815	103.92	109.17	99.39	104.59	106.98	8.40	0.09	0.02
	AKER9	2018	pop 808	103.83	109.08	97.55	106.52	107.95	6.31	0.09	0.05
	AKER10	2018	pop 815	103.79	109.03	99.90	103.72	107.73	7.87	0.07	0.07
	AKER11	2018	pop 815	103.75	108.99	99.62	104.09	97.14	6.36	0.11	0.07
	AKER12	2018	pop 808	103.74	108.98	97.09	107.05	105.87	7.98	0.15	0.13
	AKER13	2018	pop 808	103.72	108.96	98.04	105.77	104.88	6.83	0.06	0.04
B	AKER14	2018	pop 808	103.71	108.95	97.48	106.56	108.35	8.08	0.10	0.05
B	AKER15	2018	pop 808	103.69	108.93	97.10	106.89	108.03	7.79	0.22	0.11
	AKER16	2018	pop 808	103.68	108.91	96.69	107.36	103.99	5.75	0.09	0.03
	AKER17	2018	pop 808	103.58	108.81	97.41	106.52	110.37	6.93	0.15	0.22

Zoom sur les meilleurs hybrides AKER directement utilisables — combinaison des différents facteurs rendement, montée et maladies. A : particulièrement performant mais un peu moins bon en tolérance aux maladies du feuillage ; B : un peu moins performant mais nettement meilleur en tolérance aux maladies du feuillage.



Résultats 2018 spatialisés selon les critères de rendement en sucre blanc (WSY), teneur en sucre (% S) et rendement racine (t/ha). Les 16 accessions présentent toutes des sources de progrès pour ces critères et celles marquées en bleu présentent des performances significativement supérieures.

à court terme ou à long terme. Le court terme s'évalue à l'aune des meilleurs hybrides observés et donc directement exploitables s'il dépasse les témoins commerciaux. Le long terme se caractérise quant à lui par de nouveaux programmes de croisements pour accumuler les effets détectés.

Pour mesurer le progrès génétique, il faut en effet regarder l'ensemble des caractères mesurés. Un individu donné peut apporter par exemple un gain de rendement mais aussi de la sensibilité à une maladie. C'est ainsi qu'en sélection on a développé la notion d'index. Un index de sélection est une formule de choix appliquant pour chaque caractère un coefficient de pondération relatif à l'importance attribuée à ce caractère, qui est souvent lié à des critères économiques mais qui peut être aussi un seuil en-deçà duquel le candidat ne pourra être conservé malgré des performances remarquables sur d'autres critères.

La combinaison de ces choix donne un index. Pour chaque marché, type d'itinéraire cultural, importance du critère économique/environnemental… des index sont ainsi générés et permettent de lister les bons candidats. Il est également important, en réalisant un zoom sur les meilleurs candidats potentiels, de constater la compatibilité ou l'incompatibilité entre critères.

À ce stade, on ne construit pas des génotypes par croisements successifs, on constate une diversité de performances réunies ou non dans des mêmes génotypes.

Lorsque l'on regarde le classement des résultats par critère, on découvre leur appartenance à certaines populations plutôt qu'à d'autres. Pour le critère rendement par exemple, quatre des treize populations observées pour l'instant démontrent leur capacité à fournir des génotypes à performances significativement supérieures. Pour un autre critère, d'autres populations seront mises en évidence.

En conséquence, les populations les plus prometteuses parmi les treize ont été intégralement phénotypées à nouveau en 2019, pour les critères correspondants. Pour le rendement par exemple, la totalité des génotypes des 4 meilleures populations, soit 800 hybrides, ainsi que les 300 meilleures parmi les 9 populations restantes (seuils supérieurs aux témoins commerciaux), ont été à nouveau phénotypées.

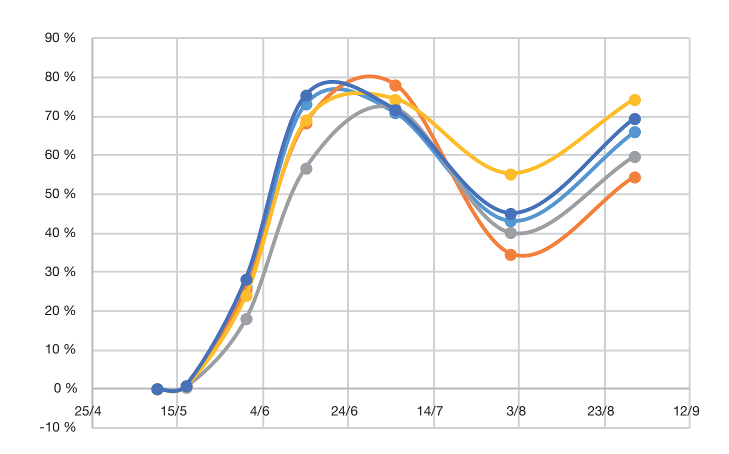
De plus, 3 populations nouvelles, non disponibles en 2018, ont été à leur tour intégralement testées en 2019. Quelques génotypes porteurs de fragments manquants, pour lesquels ont été produites à nouveau des semences en 2018, sont venus compléter le dispositif. En procédant ainsi, l'expérimentation 2019 a été optimisée.

Relation entre phénotypage et génotypage

Si l'on prend le critère teneur en sucre, bien que l'on ait pu observer finalement un potentiel d'amélioration certainement limité par l'impact physiologique et la teneur déjà élevée du matériel actuel, de nouvelles zones du génome ont été détectées et vont contribuer à l'élaboration d'une teneur en sucre plus élevée. De même, à l'inverse, des zones du génome se sont distinguées par leurs effets négatifs sur cette teneur en sucre.

Il reste à le vérifier, mais on peut d'ores et déjà envisager l'accumulation de zones génomiques favorisant la teneur en sucre élevée et/ou la caractérisation de ces zones pour leur interaction avec l'environnement. Des gènes favorables, par exemple en conditions océaniques ou au contraire continentales, peuvent contribuer à une meilleure capacité et surtout à une meilleure stabilité d'expression de ce caractère lorsque ces zones génomiques sont accumulées dans un même génotype.

Ce raisonnement peut bien sûr s'étendre à tous les caractères : le rendement racine, sans aucun doute, mais aussi la résistance aux maladies, par exemple lorsqu'il existe des souches différentes de pathogènes ou une agressivité/virulence dépendante de l'environnement. L'annotation des zones génomiques est donc un travail essentiel. Les résultats multilocaux et pluriannuels vont permettre d'en estimer la ou les valeurs d'assignation. Ces connaissances sont essentielles pour une meilleure exploitation des effets génétiques.



Comportements variétaux contrastés avec des profils de couverture foliaire différents en situation de stress hydrique important.

Les caractères évalués de façon dynamique sont également des éléments indicateurs de l'élaboration du rendement et de la capacité d'adaptation des plantes. Les outils de phénotypage comme ceux de la mesure de la couverture foliaire peuvent fournir des réponses quant à la capacité de certaines accessions à bien se comporter dans des zones environnementales non expérimentées. La bonne prédiction peut se nourrir de cette dynamique. Pour le rendement racine, il en va de même : des accessions sont de pousse rapide mais plafonnent, et d'autres, plus lentes au démarrage, continuent à progresser lorsque les durées de végétation sont plus longues. Les conditions météorologiques déterminent évidemment la durée de cette course, mais on peut simuler de nombreuses situations. C'est tout l'objet des indicateurs et de leur mesure dynamique.

Ce raisonnement peut aussi s'appliquer aux maladies : certaines accessions peuvent présenter de bons comportements qui malheureusement se dégradent en milieu/fin de végétation alors que d'autres, nettement moins bons, sans aller jusqu'à une trop grande sensibilité, démontreront une constance appréciable, n'évoluant pas ou peu. Enfin, pour disposer d'une caractérisation agronomique complète, il faut, pour ces génotypes à haut potentiel agronomique, analyser la qualité des semences et les dynamiques de germination, en particulier à basses températures, ce trait constituant un facteur majeur d'adaptation.

Détection des QTL

La génétique d'association (GWAS) permet de faire le lien entre les données de phénotypage et celles de génotypage issues des 3 000 hybrides sélectionnés, de manière à détecter des QTL (*Quantitative Trait Loci*), c'est-à-dire des régions génomiques associées avec la variation d'un phénotype.

Des QTL ont été détectés sur les neuf chromosomes de la betterave, et ce pour les treize populations étudiées. Leur nombre varie d'une population à l'autre. Si certains se retrouvent dans différentes populations, les QTL semblent souvent spécifiques d'une population et par conséquent spécifiques de l'accession exotique de référence. Ainsi seulement quatorze QTL ont été détectés dans deux populations et un seul dans trois populations.

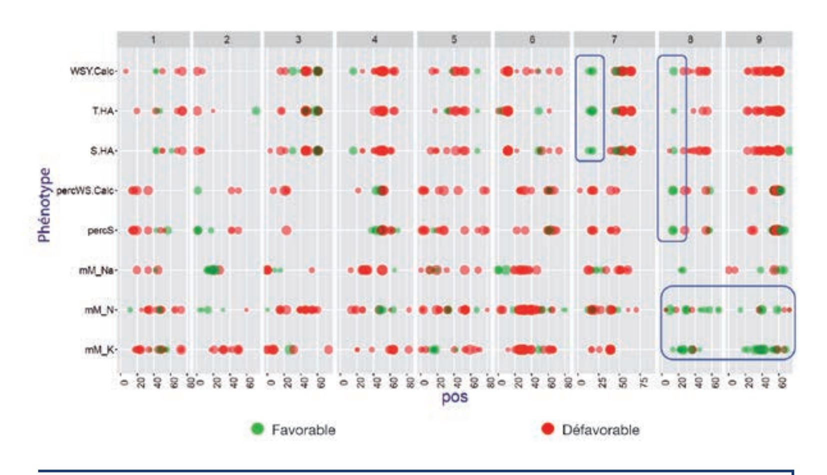
Sur les 1 380 QTL détectés, tous caractères mesurés confondus, 322 expriment un effet positif de l'allèle exotique, soit environ un quart. Si l'on prend en compte d'autres critères que ceux liés au rendement en sucre blanc, comme la résistance aux maladies (cercosporiose et oïdium) et la montée à graine, 200 QTL ont été détectés et 89, soit un peu moins de la moitié, ont un effet favorable.

Traits	**Variables**	**801**	**802**	**803**	**807**	**808**	**809**	**810**	**811**	**812**	**813**	**815**	**823**	**830**	**total**
Pureté	mM_K	25	16	11	6	19	14	12	3	21	9	11	25	18	**190**
Pureté	mM_N	6	10	34	6	9	12	6	29	12	7	11	22	16	**180**
Pureté	mM_Na	10	3	2	5	8	11	11	0	7	23	3	12	5	**100**
%S	percS	8	9	4	20	13	5	4	4	12	15	7	3	16	**120**
%S	percWS.Calc	8	12	2	19	2	4	3	5	19	7	7	2	6	**96**
Productivité	S.HA	3	32	12	24	8	2	16	10	17	10	10	2	21	**167**
Productivité	T.HA	5	20	15	30	14	4	7	13	14	13	10	2	15	**162**
Productivité	WSY.Calc	3	27	11	30	11	3	9	11	15	11	13	2	19	**165**
Oïdium	ADPC_ERI1	1	2	0	0	0	1	1	7	0	0	0	1	1	**14**
Cercospora	ADPC_FCOVEF	0	2	0	0	0	0	1	2	0	2	0	3	3	**13**
Cercospora	ADPC_NVDI1	0	2	0	0	0	0	0	6	0	0	0	2	2	**12**
Cercospora	ADPC_NVDI2	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	2	**6**
Montée	BOL	6	1	6	4	2	1	7	9	5	4	8	6	5	**64**
Stockage	R1	1	1	5	0	10	2	0	4	3	3	8	0	4	**41**
Stockage	R2	1	3	5	0	10	2	0	4	11	2	8	0	4	**50**
	total	**77**	**140**	**107**	**144**	**106**	**61**	**77**	**109**	**136**	**106**	**96**	**84**	**137**	**1380**

Nombre de QTL détectés pour chacune des populations.

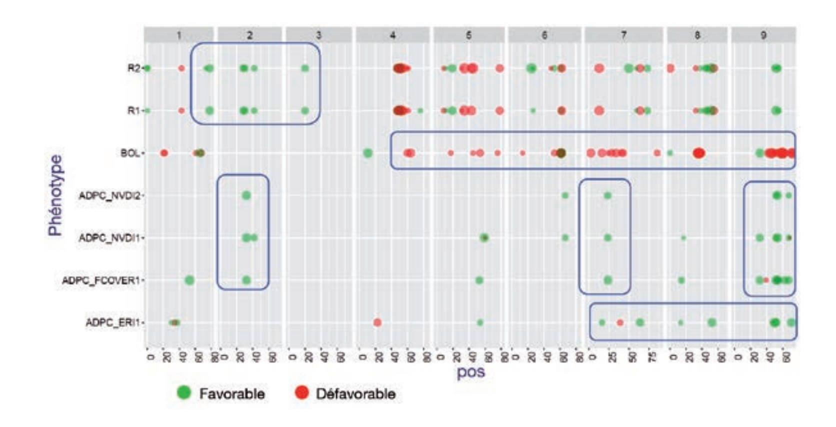
Si l'on regarde maintenant les résultats toutes populations confondues par critère phénotypique/génotypique, pour le rendement en sucre et ses composantes, de très nombreux QTL ont été détectés mais finalement assez peu sont favorables (donc utiles au sens strict). Ils sont répartis sur quasiment tous les chromosomes. Mais on peut distinguer des zones plus favorables comme celles des chromosomes 7, 8 et 9 pour les éléments mélassigènes ou au contraire peu favorables (chromosome 2).

Pour les maladies, on distingue finalement beaucoup moins de QTL. En revanche, ceux-ci sont largement favorables et donc très prometteurs tant



Effet de l'allèle exotique sur la variation des QTL liés au rendement.

pour la cercosporiose que pour l'oïdium. Ces QTL sont essentiellement détectés dans quatre populations : 802, 811, 823 et 830. Certains semblent communs entre ces deux maladies. Pour la montée à graine, de nombreuses zones génomiques à effet négatif ont été mises en évidence. Ces zones sont différentes du gène connu de l'annualité et devraient donc permettre d'améliorer la résistance à la montée à graine du matériel élite, indépendamment de l'aspect annuel/bisannuel.

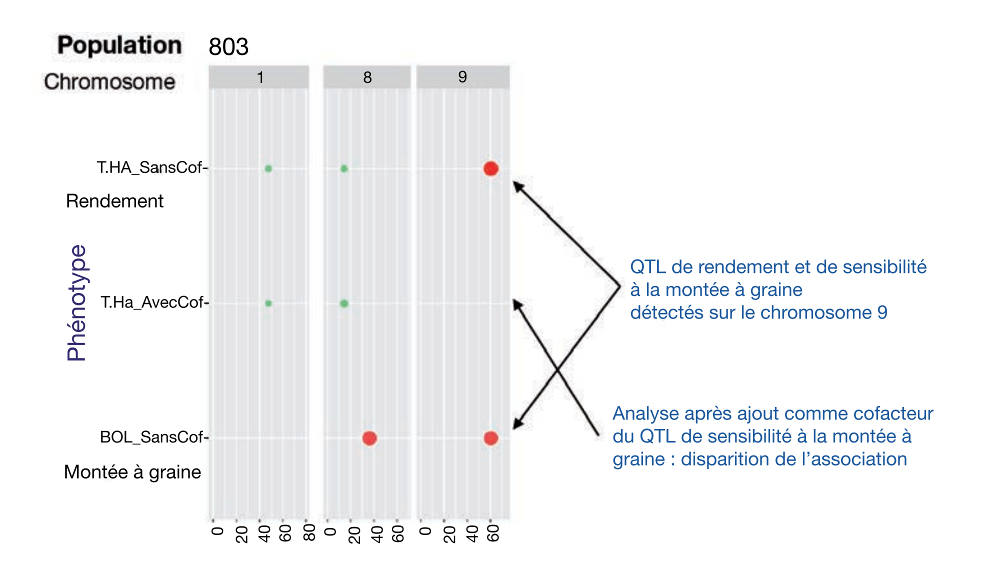


Effet de l'allèle exotique sur la variation des QTL liés à la résistance aux maladies.

Ces ressources de résistance/tolérance ont été comparées aux ressources déjà exploitées dans les programmes actuels d'amélioration de la betterave sucrière et leur originalité a été mise en évidence.

Les résultats de l'analyse des QTL par caractère montrent une richesse et une distribution génomique forte. Il faut toutefois distinguer deux cas un peu particuliers : celui de la sensibilité à la montée à graine et celui de la sensibilité au *cercospora*. Les sources exotiques apportent clairement de la sensibilité à la montée à graine, ce à quoi on pouvait s'attendre dans la mesure où ce caractère a été fortement contre-sélectionné tout au long de l'amélioration de la betterave sucrière. Mais d'un autre côté, elles apportent également de la résistance aux maladies comme le *cercospora*. Il est d'ailleurs étonnant que, pour cette dernière, contrairement à l'oïdium, on n'observe quasiment pas d'allèles défavorables exotiques.

L'analyse multiple apporte aussi un nouvel éclairage avec, par exemple, la réanalyse du caractère rendement en combinaison avec la sensibilité à la montée à graine. Des QTL négatifs de rendement détectés dans un premier temps peuvent être des faux négatifs. Ils disparaissent si on introduit la montée à graine comme cofacteur. La sensibilité à la montée à graine diminue bien évidemment le rendement, quel que soit le fonds génétique.

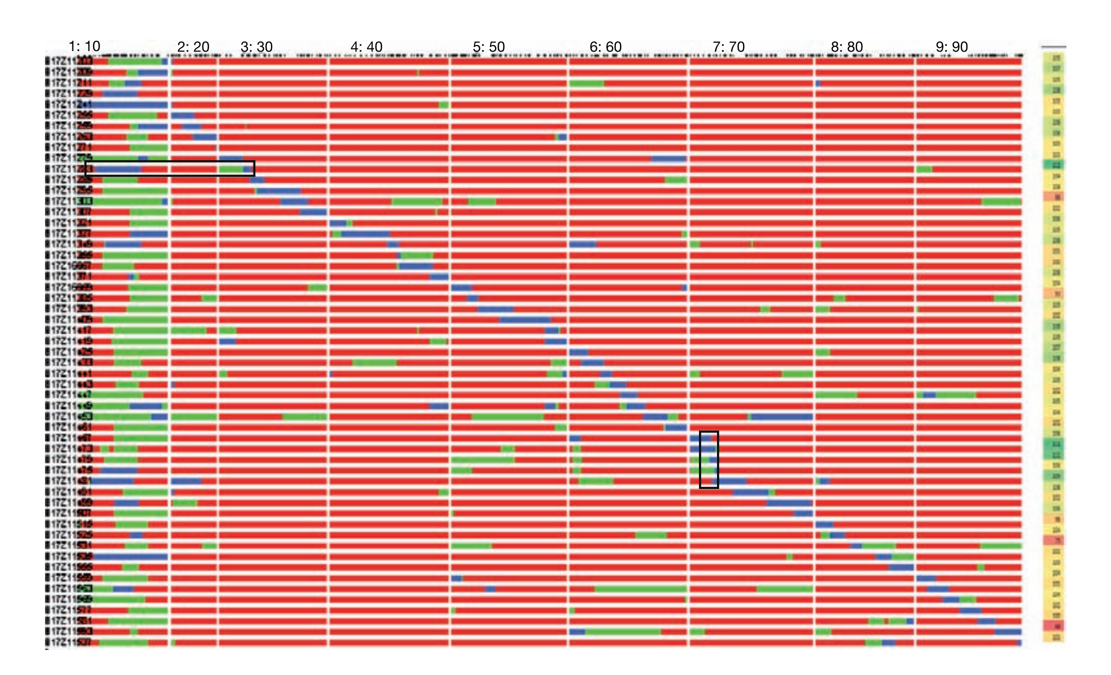


Exemple du rôle de la montée à graine comme facteur pour la détection de QTL de rendement.

Perspectives

Les premiers résultats de 2019, en cours d'analyse détaillée, démontrent une cohérence de performance des principales accessions choisies parmi les meilleures (et les plus mauvaises) « performeuses » de 2018. Cette confirmation pluriannuelle dans la détection des meilleures représente autant d'arguments pour soutenir la robustesse de l'expérimentation face à la variation pluriannuelle, notamment avec des indicateurs climatiques qui ont largement démontré le contraste très marqué entre les années 2018 et 2019. Le dispositif expérimental est donc robuste et permet en outre d'identifier des génotypes avec une forte adaptation à une large diversité d'environnements. On récupère donc de la *fitness* ou capacité d'adaptation à partir des génomes des betteraves exotiques.

Face aux enjeux du réchauffement climatique et surtout de sa plus grande instabilité, outre de fortes potentialités en termes de performances, il est important de constater que l'on peut générer des ressources de stabilité, plus aptes à absorber les inévitables variations de l'environnement. Les variétés élites de demain pourront ainsi, par leur capacité d'adaptation plus élevée,



Mise en cohérence des QTL intéressants (en vert) avec la valeur de leurs résultats.

assurer un revenu plus prévisible, tant pour l'agriculteur betteravier que pour l'industriel sucrier, rassurer le conseil agronomique par un mode d'emploi plus solide et finalement répondre à des exigences environnementales plus fortes.

AKER VA APPORTER DU MATÉRIEL GÉNÉTIQUE NOUVEAU ET POUR LONGTEMPS

Le programme AKER est un stimulateur d'innovation, répondant aux aspirations de la filière qui souhaite continuer à bénéficier du progrès génétique pour améliorer sa compétitivité. Il va apporter du matériel génétique remarquable qui viendra irriguer les futures variétés, et ce pour longtemps.

De nouvelles variétés à venir

À court terme, les sélectionneurs du programme sont en mesure de détecter un groupe d'hybrides aux performances confirmées qui pourraient être déposés à l'inscription au CTPS (Comité technique permanent de la sélection) en 2022. Il faudra encore compter à partir de là deux ans d'inscription et une année de recommandation, soit trois ans avant sa commercialisation.
À moyen et long termes, le programme AKER va permettre de produire des variétés ultraperformantes en introgressant des fragments intéressants du génome des plantes de référence dans des variétés existantes. Cette dynamique était déjà en cours, avant même la fin du programme AKER.

Pas d'OGM dans le programme AKER !

Rappelons que les cultures OGM sont interdites en Europe, et donc en France. Le programme AKER est précisément un programme alternatif par rapport aux OGM. Il permet de travailler sur l'ensemble du génome de la betterave, et non sur de simples gènes d'autres espèces, spécifiques, n'appartenant pas à la betterave, comme c'est le cas avec les OGM. La stratégie d'AKER s'appuie pleinement sur la connaissance de la génomique et des gènes, et son ambition dépasse largement celle des OGM qui ne se focalisent que sur des caractères bien précis. En outre, tandis que la stratégie OGM tire aussi parti de la variabilité entre espèces, voire entre règnes (gènes d'origine animale, mais aussi bactérienne, virale…), le programme AKER se focalise sur la seule variabilité disponible dans les espèces du genre *Beta*. Cette variabilité, qui reste à exploiter, est encore très grande, voire infinie dans ses combinaisons.

LE PROGRAMME AKER SATISFAIT-IL LES BETTERAVIERS ?

« Le programme AKER est identifié comme un levier essentiel pour accélérer la sélection variétale, réduire les intrants et améliorer la compétitivité des betteraviers français. Pour cette raison, la CGB a souhaité en être actrice. Les résultats tangibles d'AKER vont se traduire par l'apparition progressive de variétés multitolérantes, mieux à même de répondre aux défis actuels : plus forte pression des bioagresseurs et recours accru au désherbage mécanique. Elles contribueront, dans l'optimisme, à dynamiser la filière et conforter les betteraviers. »

Franck Sander, président de la CGB
(Confédération générale des planteurs de betteraves)

Programme Selkit : kit de sélection génomique

Selkit fait référence à une thèse débutée en 2017 pour une durée de trois ans ayant pour but de préparer la fin et le prolongement du programme AKER. L'objectif de cette thèse est de favoriser l'intégration de la variabilité génétique intéressante, découverte à partir des seize populations de référence, dans un programme de sélection. Il s'agit de comparer des schémas de *pre-breeding* qui permettent d'utiliser cette nouvelle variabilité génétique et de l'introduire rapidement pour la création de nouvelles variétés. Le schéma optimal doit permettre de conserver la variabilité maximale (éviter son érosion) tout en produisant du matériel nécessaire à la création d'élites, de façon durable et adaptée aux actuelles et futures exigences des marchés.

Cette problématique a déjà été étudiée par le passé et la solution principalement proposée a surtout fait ses preuves dans des cas réels pour l'introgression de peu de gènes ou de régions génomiques dans un génome élite. Cependant, ces méthodes d'introgression montrent certaines limites dès lors que plusieurs zones génomiques à effets faibles tentent d'être intégrées dans un même génotype élite. En effet, la détection préalable de ces zones d'intérêt est, pour l'essentiel, limitante puisqu'elle ne recense pas ou peu de régions à effets faibles. Or, en betterave comme dans d'autres espèces, les caractères qui intéressent le plus les sélectionneurs (rendement en sucre blanc chez la betterave, rendement en grains chez les céréales…) sont des caractères polygéniques gouvernés par une multitude de fragments à effets faibles. Les méthodes présentées précédemment ne peuvent donc pas être utilisées efficacement pour intégrer une multitude de fragments génomiques d'intérêt.

La sélection génomique offre une méthode alternative dans laquelle d'une part les variations génétiques favorables peuvent être sélectionnées à travers l'ensemble des génomes et d'autre part les variations délétères peuvent être contre-sélectionnées, sans se concentrer sur un nombre fini de régions

génomiques. Cela est donc particulièrement intéressant pour les caractères génétiquement complexes. Dans le contexte d'un programme de *pre–breeding*, la sélection génomique peut alors être utilisée efficacement pour enrichir une population de départ avec des variations polygéniques favorables. Une telle population, enrichie et proche au niveau des performances agronomiques des populations élites, peut ensuite être utilisée facilement comme source de croisements par les sélectionneurs.



Prune Pegot-Espagnet a soutenu une thèse de doctorat sur le projet Selkit — kit de sélection génomique — complémentaire du programme AKER.

PRUNE PEGOT-ESPAGNET : ACCROÎTRE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

Fraîchement diplômée de l'université Paul-Sabatier, à Toulouse, une licence de microbiologie/agrobioscience ainsi qu'un master de bio-informatique en poche, Prune Pegot-Espagnet entre au LIPM (Laboratoire des interactions plantes-microorganismes) à l'Inra de Toulouse auprès de Brigitte Mangin. Elle travaille sur le blé, le tournesol dans le projet Sunrise, puis sur la betterave sucrière dans le cadre du programme AKER.

Prune explique : « Le projet Selkit consiste à accroître la diversité génétique utile au sein du matériel de sélection avec des ressources génétiques exotiques intéressantes. » Le but est de simuler différents schémas de *pre-breeding* comportant du matériel élite et des ressources exotiques, puis de les comparer afin de guider la conception des schémas de sélection.

« Au départ, j'ai travaillé sur l'architecture génétique du caractère », retrace-t-elle. On recherche les régions génomiques qui sont en lien avec un caractère et on détermine celles qui ont un effet positif ou négatif en fonction de l'accession exotique. Cela permet de simuler l'évolution de ce caractère *in silico* (par l'outil informatique) en fonction de différents schémas de sélection, pour voir lesquels seraient les plus intéressants à réaliser.

« Les résultats confirment l'hypothèse de départ, à savoir qu'utiliser des ressources exotiques permet d'apporter une nouvelle source de diversité génétique utile pour le rendement », conclut Prune. « La démarche d'introgression de populations exotiques dans le matériel de sélection est très intéressante, et courageuse à mettre en place. AKER est un programme nécessaire pour "sauver" la betterave sucrière. »

LES RÉALISATIONS DU PROGRAMME AKER SONT-ELLES À LA HAUTEUR DES AMBITIONS DE DÉPART ?



Bruno Desprez, président de Florimond Desprez Veuve & Fils et président du Comité de coordination du programme AKER, estime que les réalisations du programme AKER vont même au-delà des ambitions de départ.

« Rappelons quelles étaient les ambitions du programme AKER en 2012. Des ambitions politiques : maintenir la betterave dans le peloton de tête des espèces cultivées. Des ambitions scientifiques et techniques : être novateur et apporter des résultats tangibles pour les agriculteurs betteraviers et les industriels sucriers.

Les betteraviers et les sucriers ont fait confiance au programme AKER en mettant à sa disposition des moyens humains et financiers par le biais de l'ITB, institut technique agricole et véritable organisme de recherche et développement de la filière. Nous avons de bonnes raisons de croire que cette confiance a été méritée au vu des résultats du programme.

AKER apporte une production scientifique remarquable, des résultats concrets, mesurables, utiles à moyen et long termes. De ce point de vue, il est devenu incontournable, outillé pour être sollicité, copié, certainement envié pour d'autres espèces. Le programme a fait émerger une véritable communauté scientifique autour de la betterave. Il a permis de mixer des ingénieurs et des docteurs, des chercheurs du public et du privé, des contributeurs techniques et académiques, des producteurs de connaissances et des "disséminateurs".

AKER a fait émerger des experts en leur donnant la possibilité d'exercer leur discipline sur un terrain de jeu, celui de la betterave, qui ne leur était pas forcément familier. Le programme a amené les chercheurs à un niveau de connaissances supérieur, chacun d'entre eux a pu augmenter son expertise grâce à la puissance de l'action collective. Le programme est entré dans le quotidien du conseil pratique apporté aux agriculteurs et aux techniciens. Il facilite la transmission du savoir aux générations futures de chercheurs, généticiens, sélectionneurs, agronomes, biologistes, bio-informaticiens, etc.

AKER a fait rayonner de nouvelles approches afin de mieux comprendre les effets de la sélection dans le temps et dans l'espace. Le programme élargit les thématiques, fait surgir de nouvelles ambitions et de nouveaux rêves. Bref, AKER est devenu implicite, naturel ; il est entré dans le quotidien de la recherche, de la sélection, du conseil au service de la filière. Nous sommes d'ores et déjà embarqués dans l'après-AKER. »




Un
programme
ouvert



Des programmes complémentaires

Sans attendre l'échéance 2020, les responsables ont envisagé très rapidement les suites à donner au programme AKER. Il s'agit de valoriser les données génétiques collatérales soit en direct (Taker), soit pour alimenter de nouveaux domaines d'exploration scientifique avec une approche spatio-temporelle (Adapt, Be Domino).



Programme Taker : utilisation transversale des données

Le programme AKER a accumulé de très nombreuses informations sur les betteraves sauvages, mais aussi sur d'autres cultigroupes (groupe de cultivars) que la betterave sucrière, comme par exemple la betterave potagère (betterave rouge ou autres couleurs), cultigroupe économiquement important, d'où le programme complémentaire Taker (avec le T initial de *table beet*, pour betterave potagère en anglais).

En effet, parmi les plantes de référence séquencées dans le cadre du programme AKER, se trouvait aussi une betterave rouge. Dès 2015, les responsables sont entrés en contact avec les équipes de l'USDA (US Department of Agriculture) pour leur transmettre l'intégralité de ces données de manière à ce que les chercheurs américains complètent leurs travaux de génétique sur cette espèce. Ceux-ci disposent en effet d'une expertise, d'une collection très large de betteraves potagères et d'un important travail d'évaluation phénotypique de celles-ci.

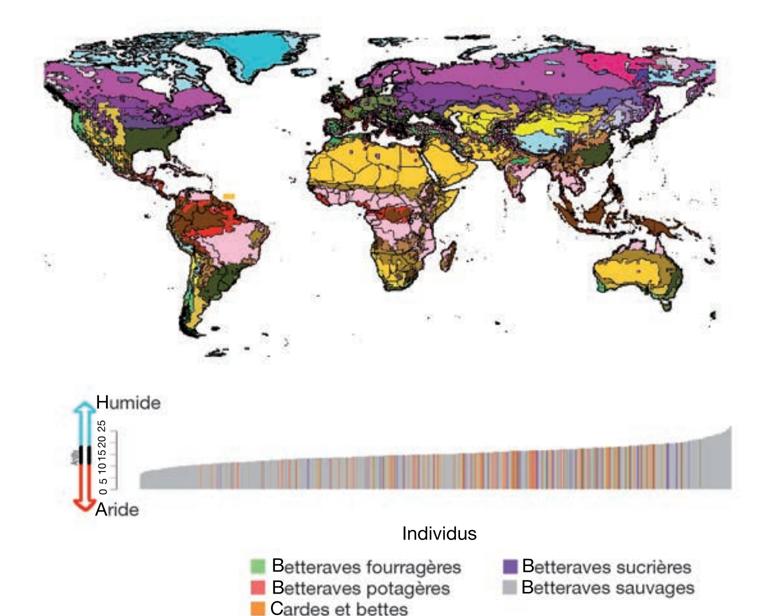


La betterave potagère présente toute une palette de couleurs.

Le programme AKER leur apporte de cette manière de nombreuses données génomiques permettant, outre les analyses de diversité, de faire un lien évident entre la génétique et les résultats de phénotypage de l'USDA.

Programme Adapt : utilisation des données dans l'espace

Le programme AKER s'est enrichi d'un module, le *landscape genetics*, que l'on peut traduire par « génétique paysagère » et qui consiste à étudier la manière dont chaque plante s'est adaptée à son environnement (sol, climat,



Génétique paysagère : distribution des accessions selon les zones géographiques.

luminosité, hygrométrie, altitude…). Cette recherche doit permettre d'identifier des allèles d'adaptation à un environnement donné, et donc de pouvoir les transférer ensuite par croisement dans du matériel élite afin de rendre celui-ci plus propice à la culture placée sous contraintes environnementales spécifiques.

Les travaux sur le *landscape genetics* sont menés par le CNRS et l'université de Montpellier (Laboratoire biogéographie et écologie des vertébrés), à partir des nombreuses données moléculaires générées par le programme AKER.

L'idée est de combiner la distribution moléculaire de toutes les accessions des ressources génétiques localisées sur une carte, en y associant tous les paramètres environnementaux auxquels on peut avoir accès (conditions climatiques, durée du jour, teneur en sel des zones littorales, températures, précipitations, etc.). La distribution génétique distingue un allèle avantageux d'un allèle neutre, allèles changeant ou pas de fréquence en fonction des conditions environnementales.

En appliquant cette distribution sur différents paramètres, on trouve des candidats SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) corrélés avec différents niveaux d'adaptation à la sécheresse, à la salinité, aux températures extrêmes. En étudiant les profils génétiques des accessions d'un environnement particulier (par exemple un marché donné, un pays européen cultivant la betterave), on peut mettre en évidence des régions génomiques utiles qui participeront à une meilleure adaptation et donc à une plus grande robustesse des variétés futures.



Chercheur au Centre d'écologie fonctionnelle et évolutive de Montpellier, Marco Andrello a collaboré au programme AKER dans une toute nouvelle discipline : la génétique du paysage.

MARCO ANDRELLO, LES GÈNES DANS LE PAYSAGE

D'origine italienne, Marco Andrello est venu faire sa thèse de biologie à Grenoble. Depuis, il a travaillé sur l'analyse génétique des données du programme AKER. Son sujet ? La génétique du paysage ou *landscape genetics*. Marco explique : « On met les gènes dans le paysage, c'est-à-dire qu'on étudie la distribution des allèles dans l'espace géographique, pour essayer de détecter les mécanismes à l'origine de cette distribution comme les flux de gènes ou la sélection naturelle. »
La génétique du paysage est une science toute récente, elle se situe à la croisée des chemins entre la géographie, la géostatistique, l'écologie et la génétique.
En s'appuyant à la fois sur les systèmes d'information géographique et environnementale, et sur les nouveaux outils de la biologie moléculaire, la génétique du paysage propose de nouveaux moyens et modèles pour identifier et, le cas échéant, traiter des « discontinuités génétiques » originales au sein d'une population, mais aussi détecter des variants génétiques atypiques.
Dans le cadre du programme AKER, Marco Andrello a repris les accessions en provenance du monde entier. « Nous avons trouvé des corrélations entre certains marqueurs génétiques et la sécheresse, ce qui permet par exemple de supposer que ces marqueurs révèlent la présence d'allèles impliqués dans des mécanismes de résistance à ce caractère », conclut Marco.

Programme Be Domino : utilisation des données dans le temps

Pour étudier la betterave et sa domestication, un projet dénommé Be Domino (*Beta Domesticated In Side Organisation*) a été mis sur pied, conduit par le programme AKER et en collaboration avec l'USDA (United States Department of Agriculture) et l'université de Padoue (Italie).

La betterave sauvage possède un certain nombre d'allèles. Au cours des différents processus de domestication et de sélection, certains de ces allèles ont disparu, d'autres sont apparus dans les variétés cultivées. L'évolution de la fréquence allélique semble être, d'après les travaux du programme AKER, en relation directe avec l'échelle de temps. Fortes de ce constat, deux études à visée pratique ont été développées.

Recherche d'allèles de résistance

La première approche consiste à rechercher, dans le compartiment exotique, des allèles de résistance déjà utilisés par les sélectionneurs. L'objectif est

double : d'une part, retrouver la source (localisation) de ces betteraves exotiques, d'autre part, caractériser plus finement le ou les allèles du gène et son environnement génétique proche. Grâce à cela, on espère trouver de nouvelles sources de résistance à une maladie et/ou une même source avec un environnement génétique proche mais différent (évitant la proximité de tares).

La preuve de ce concept se rencontre sur l'allèle *Rz2*, utilisé pour la résistance à la rhizomanie, maladie virale très grave et mondialement répandue, dont l'agent infectieux est un virus transmis par un champignon du sol. C'est un allèle d'un autre gène que celui utilisé historiquement, le *Rz1*.

Ce *Rz2* a été retrouvé dans le génome de betteraves sauvages localisées dans plusieurs zones géographiques très différentes. L'approche moléculaire, plus précise, a montré que la ressource actuellement utilisée provenait d'une *Beta maritima* poussant sur les côtes danoises. D'autres allèles différents (démontrés avec plusieurs marqueurs internes au gène) et aussi différemment « entourés » (démontrés à l'aide de marqueurs voisins) ont été mis en évidence dans d'autres zones géographiques.

Il serait en effet difficile de séparer les tares voisines sans devoir utiliser des effectifs colossaux susceptibles de développer des recombinaisons entre gènes proches. Il convient donc plutôt de vérifier que ces betteraves sont bien résistantes et, si c'est le cas, qu'elles constituent une nouvelle source de variabilité intéressante.

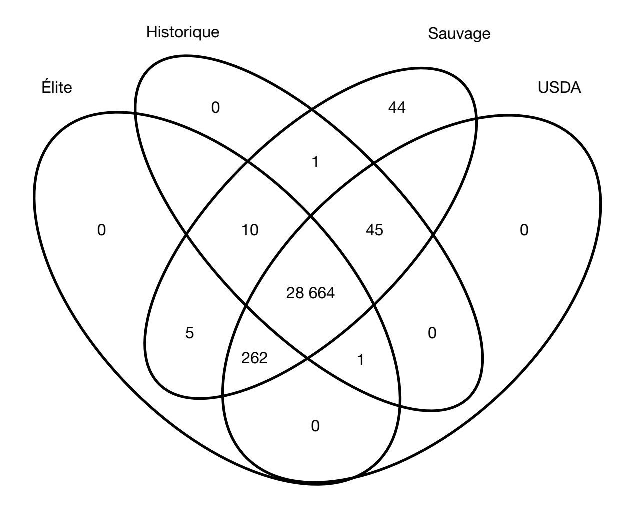
On a appliqué la même approche pour le site *Rz1* et la résistance aux nématodes, sans détenir cependant le gène lui-même mais seulement une estimation de sa localisation.

Approche comparative d'accessions

La deuxième approche consiste à étudier comparativement des accessions appartenant à quatre groupes distincts : les sauvages, le matériel de l'USDA (que l'on peut considérer comme de la présélection), de nombreuses variétés historiques et enfin du matériel élite récent.

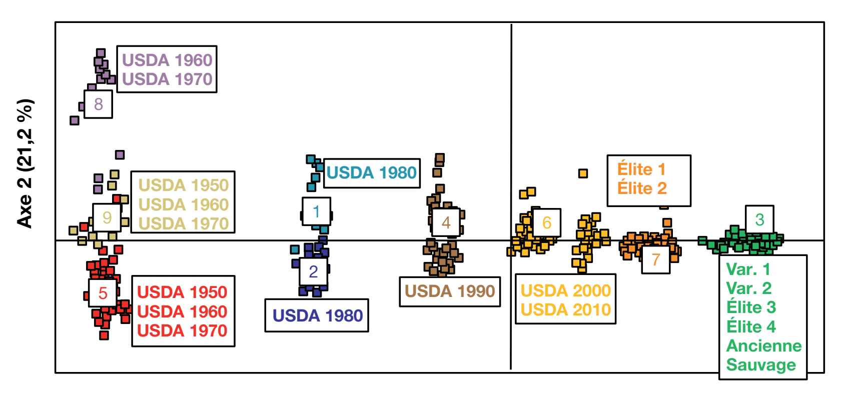
L'étude statistique en nuages de points montre une différenciation claire des groupes, et un *continuum* allant du groupe des sauvages au matériel élite en passant par le matériel de l'USDA. Cela confirme le processus de domestication successif des sauvages dans le matériel de l'USDA, puis de leur exploitation par les sélectionneurs.

D'autre part, l'étude plus précise des accessions de l'USDA, en leur assignant la date à laquelle elles sont mises à la disposition des sélectionneurs (*release date*), permet une association temporelle des marqueurs. En d'autres



Étude comparative de la composition génétique des différents groupes : élite, historique, sauvage, USDA.

termes, à partir de l'analyse génétique d'une *release*, on peut déterminer avec précision ou en tout cas bien estimer sa date de mise à disposition. C'est la dynamique des allèles entrants (sélectionnés) et des allèles sortants (soit contre-sélectionnés ou simplement perdus) qui permet cette datation.



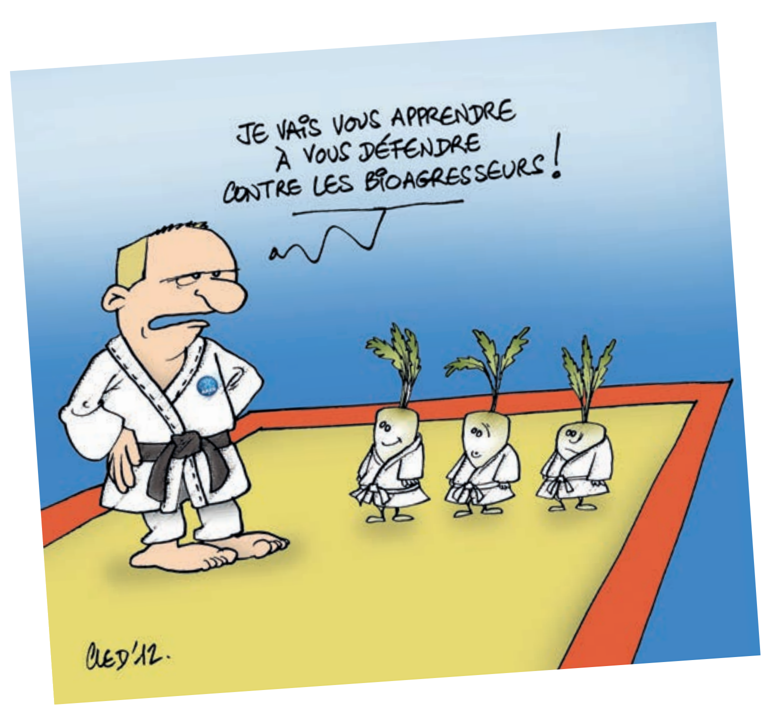
Structuration génétique par nuages de points de différentes accessions de l'USDA avec leur date de mise à disposition.

LE TEMPS ET L'ESPACE

En combinant l'approche de la génétique paysagère (spatiale) et celle de la génétique de la domestication (temporelle), on peut maintenant imaginer retracer et localiser tous les évènements qui ont participé à la mise en place de la betterave sucrière moderne. À l'instar des études paléontologiques, datant et localisant les fossiles, la génétique peut être aussi utilisée pour dater une ressource génétique d'ores et déjà localisée.

Des réponses à de nouvelles questions

Le programme AKER apporte des réponses aux questions qui se posent aujourd'hui, et permettra de répondre aux nouvelles qui se poseront demain. Il en est ainsi des réponses de la génétique aux questions relatives aux maladies de la betterave.



La pression sociétale grandissante en faveur d'une réduction de l'utilisation des produits phytosanitaires entraîne l'interdiction de certaines substances actives. C'est le cas notamment avec la suppression des néonicotinoïdes destinés à lutter contre la jaunisse. La production agricole en général, et la betterave en particulier, fait ainsi face à de véritables défis pour maîtriser certains pathogènes et ravageurs avec de nouvelles méthodes : la résistance génétique est plus que jamais mise à contribution.

QUE RETENEZ-VOUS DU PROGRAMME AKER ?

« Le programme AKER a été bâti par la filière betterave-sucre alors qu'elle anticipait la sortie des quotas, avec l'objectif de combler le différentiel de compétitivité betterave – canne à sucre. Il est aujourd'hui finalisé alors que la filière est sortie des quotas depuis trois ans. Mais le contexte économique est particulièrement morose et la betterave fait face à de nouveaux challenges : l'émergence de nouvelles maladies, la perte de solutions phytosanitaires, la nécessaire transition agroécologique. L'apport de la sélection dans cette filière spécifique est indispensable : AKER va en renforcer l'intérêt, en offrant une nouvelle diversité génétique porteuse de solutions pour l'avenir et en accélérant encore le progrès génétique. »

Christian Spiegeleer, président du SNFS
(Syndicat national des fabricants de sucre)

Proposer des variétés résistantes

La mission du semencier est de proposer aux agriculteurs les variétés qui, globalement, résistent le mieux aux bioagresseurs. Cependant, le sélectionneur ne conçoit plus des solutions individuelles, mais des solutions de marché : une plante dans son environnement de culture, destinée à recevoir certains traitements phytosanitaires. Dans tout programme de sélection de variétés résistantes ou tolérantes à une maladie, les sélectionneurs – toutes espèces végétales confondues – se doivent d'anticiper les molécules phytosanitaires en cours de développement, celles qui seront moins utilisées ou amenées à disparaître du marché.

De plus, les maladies elles-mêmes évoluent dans leur fréquence, leur impact, leur virulence. Quel sera la maladie ou le ravageur important de la betterave demain ? Le changement climatique, les modifications d'itinéraires techniques (développement de différents types d'agriculture), la réglementation… tout cela contribue à une évolution de l'environnement agricole. Il faut donc disposer de la diversité génétique la plus large possible pour envisager d'y répondre. Une sorte d'assurance tous risques !

ONE HEALTH : LA SANTÉ DES PLANTES, DES ANIMAUX ET DES HOMMES

Le concept de *One Health*, ou une seule santé, incite les chercheurs à réfléchir à la santé des plantes autrement, à sortir du champ. Protéger une culture, c'est aussi protéger les animaux et l'homme qui la consomment. Quand on agit sur un gène, l'impact sur l'ensemble de la chaîne alimentaire doit être envisagé. Il faut être vigilant sur toutes les familles de molécules synthétisées naturellement par la plante. Par exemple, les gènes qui lui permettent de se protéger peuvent être aussi responsables d'un défaut dans la qualité du produit. Diminuer ce désagrément pour satisfaire le progrès et la santé des consommateurs revient à désarmer la plante. Tout est question de dosage et d'équilibre entre les attentes des experts de la nutrition, de la santé et de la génétique.

Concilier résistance et rendement

La diversité à elle seule ne peut cependant pas répondre à toutes les questions. On constate en effet que le matériel exotique utilisé directement dans des variétés impacte en même temps négativement le rendement. Il est donc compliqué de jouer sur les deux tableaux : la résistance se traduisant par un coût génétique, un important travail de sélection est à effectuer. Comme les plantes résistantes ne représentent qu'une fraction souvent minime de la diversité, le potentiel de diversité nécessaire au gain génétique pour les autres caractères favorables comme le rendement diminue. Ainsi, en termes de progrès génétique, plus les solutions complémentaires seront nombreuses, moins il sera nécessaire de mobiliser une partie de la variabilité, et plus le compromis pour protéger les plantes sera simple à identifier.

Les caractères de résistance sont parfois de type monogénique, c'est-à-dire que peu de gènes sont concernés. Or ces gènes peuvent produire de gros effets, contrairement aux caractères polygéniques, tels que le rendement, qui sont gouvernés par de nombreux gènes mais avec chacun de petits effets. Les introduire dans un matériel élite est donc plus facile et entraîne certainement moins d'impact négatif sur le rendement. Cela constituerait un terrain d'expérimentation privilégié avec les NBT (*New Breeding Technologies*), et notamment l'édition de gènes. Mais cette solution est à ce jour interdite en Europe en production – même si elle est autorisée pour la recherche fondamentale.

Combiner tous les leviers

Autre aspect important : en sélection végétale conventionnelle, les pas de temps de l'amélioration variétale sont assez longs (10–15 ans) et ne permettent pas une grande réactivité face aux évolutions environnementales. Il est temps de s'approprier les outils à disposition, de les optimiser et d'accélérer les cycles de sélection. Il faut prévoir les outils d'introgression pour le sélectionneur, afin de lui offrir la possibilité d'accélérer les processus d'introgression de gènes de résistance.

La génétique ne pourra pas résoudre tous les problèmes, mais elle est un maillon incontournable dans la réponse multifactorielle aux enjeux actuels : il serait condamnable de ne pas en tirer le meilleur parti. Si l'on veut viser le zéro phytosanitaire, on ne peut pas toutefois compter uniquement sur la génétique. Il faudra la combiner avec tous les autres leviers de l'agroécologie disponibles (prophylaxie, pratiques culturales, etc.) qui n'excluent pas d'ailleurs l'usage des produits de biocontrôle. Il faudra aussi sans doute consentir un certain niveau de maladie acceptable, qui restera en deçà du seuil de nuisibilité. La volonté de faire du « zéro maladie » a probablement été poussée à l'excès. Le *monitoring* des populations de bioagresseurs est à considérer pour assurer la durabilité des résistances génétiques déployées.

Nouvelles sources de résistance à la jaunisse

S'agissant particulièrement des maladies, les seize plantes de référence du programme AKER n'ont pas été phénotypées au départ. Qu'elles soient résistantes ou non, elles sont toutes considérées comme une ressource à évaluer dans un contexte génétique élite. Au cours du programme AKER, les



Gros plan sur une betterave malade atteinte de jaunisse.

Puceron vecteur de la jaunisse.





Champ de betterave infesté par les vecteurs de la jaunisse.

3 000 hybrides ont été évalués face à l'oïdium et à la cercosporiose. Le bannissement des néonicotinoïdes incite à l'utilisation de biotests dès à présent, afin de détecter de nouvelles sources de résistance à la jaunisse (aux virus ou aux pucerons vecteurs de la maladie). Le matériel introduit dans ces tests est constitué des pollinisateurs élites introgressés de fragments exotiques et non des 3 000 hybrides. Le tri est ainsi plus précoce et permettra d'envisager de multiples combinaisons hybrides.

AKER EST UN PROGRAMME PRÉCURSEUR

On peut se demander, à l'issue du programme AKER, ce qu'il en aurait été s'il n'avait pas existé, et on peut raisonnablement dire qu'il y a un avant et un après-AKER. Certes, la betterave est une culture vertueuse grâce au travail de longue haleine effectué par la recherche, à la remarquable adaptabilité de la plante, à la technicité des agriculteurs et à la qualité des organisations professionnelles de la filière. Mais le programme AKER permet de créer une rupture par rapport au passé au niveau du génotypage (analyse des génomes), du phénotypage (évaluation des caractères) et du traitement des données (bio-informatique). De sorte que la betterave va pouvoir reprendre de l'avance et se retrouver dans le peloton de tête des plantes cultivées.

Une contribution dynamique pour une agriculture moderne

La betterave a bénéficié depuis le XIXe siècle des joyaux de la recherche publique et privée et des efforts de tous les acteurs. Le programme AKER s'inscrit au XXIe siècle dans cette dynamique vertueuse.



La betterave est une filière d'exception par son organisation, son rayonnement, ses performances en progression constante. C'est une filière moderne, ouverte sur le monde, en prise directe avec les débats de société. C'est une filière qui s'assume, qui peut être fière du travail accompli, tout en étant consciente du chemin qui lui reste à parcourir au niveau international.

AKER apporte ainsi sa contribution scientifique positive et innovante pour une agriculture productive, respectueuse de la santé et de l'environnement de nos concitoyens.

Le programme met à disposition de la société la passion de ses chercheurs qui ont appris à travailler ensemble durant huit années dans une approche collaborative.

Il utilise les plus hautes technologies (génétique, numérique, bio-informatique…) au service de l'agriculture dans le respect des réglementations


L'alcool, issu de la betterave, entre dans la composition des parfums.

Le sucre est synonyme de plaisir.

en cours (non OGM) et avec le souci des évolutions nécessaires (génétique *vs* phytosanitaire, abandon des néonicotinoïdes, etc.).

AKER offre une chance supplémentaire pour améliorer la compétitivité de la filière betterave française grâce à un investissement exceptionnel de 18,5 M€ (dont 5 M€ d'aides publiques) dans le cadre des Programmes d'investissements d'avenir.

Enfin, le bénéfice que peuvent attendre du programme AKER le consommateur et le contribuable réside dans une production locale d'un sucre de qualité. Cette production pérennise une filière et des emplois sur le territoire français et européen, dans des conditions économiques favorables pour les agriculteurs, les industriels et les consommateurs.

PEUT-ON ENCORE CONSOMMER DU SUCRE AUJOURD'HUI ?

« Le saccharose est un sucre naturel constitué d'une molécule de glucose et de fructose. Le glucose est d'abord un substrat énergétique pour le travail musculaire, mais c'est aussi le carburant privilégié du cerveau. C'est dire qu'il est utile. Mais peut-il être nocif ? Tous les glucides favorisent, en cas de mauvaise hygiène bucco-dentaire, les caries. Si les dépenses énergétiques (activité physique) sont moindres (de façon régulière) que les apports, cela peut conduire à une prise de poids. Dans le cadre d'une alimentation équilibrée et conjointement à une activité physique régulière, il n'y a aucune raison de bannir le saccharose, d'autant qu'il est vecteur de plaisir alimentaire. Quant à l'addiction vraie au sucre, elle s'observe surtout en cas de restriction alimentaire. »

Docteur Jean-Michel Lecerf, service de Nutrition et activité physique, Institut Pasteur de Lille

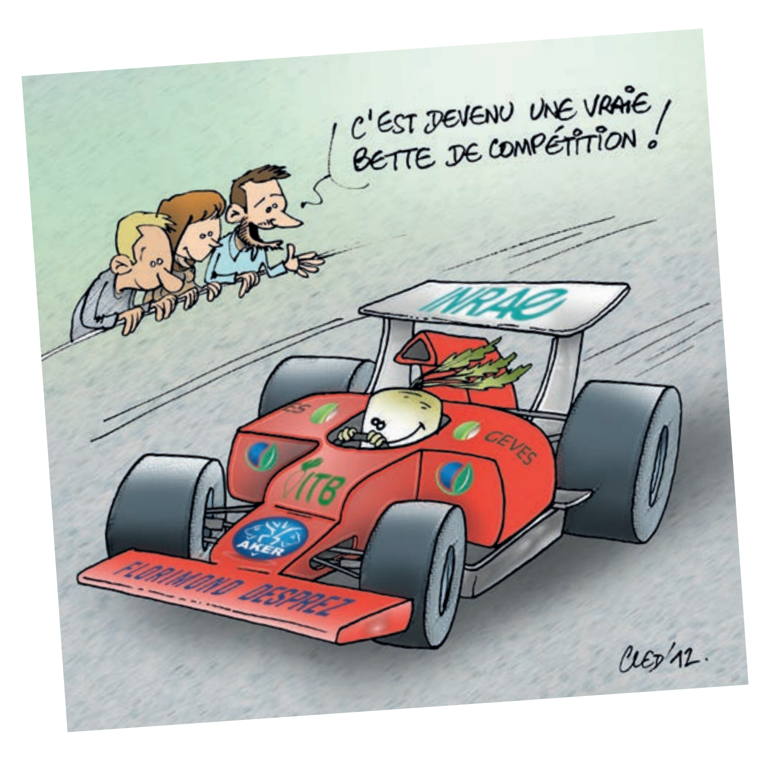
QUEL EST L'AUTRE ATOUT DE LA BETTERAVE ?

« Certes, la betterave produit du sucre. Mais le sucre permet de produire, par fermentation, de l'alcool et du bioéthanol. L'alcool agricole trouve sa place dans les spiritueux, mais aussi dans la pharmacie, la parfumerie, la cosmétique, l'industrie… Quant au bioéthanol, incorporé dans le SP95-E10, sous forme de superéthanol-E85 pour les voitures essence flex-fuel ou de carburant ED95 pour des véhicules lourds équipés de moteurs diesel dédiés, il a fait la preuve de ses atouts environnementaux. L'amélioration de la compétitivité de la betterave se répercute également sur tous les maillons de la filière alcool-bioéthanol. »

Sylvain Demoures, secrétaire général du SNPAA
(Syndicat national des producteurs d'alcool agricole)

Un programme partenarial, collaboratif, pluridisciplinaire

Le partenariat élargi, la collaboration pluridisciplinaire, l'installation dans la durée (huit ans) ont fait d'AKER un programme dynamique et évolutif, gage de pérennité.



Partenarial

Le programme AKER rassemble onze partenaires, issus à la fois du public (cinq unités INRAE, dont l'ex-Irstea, Geves) et du privé (le sélectionneur Florimond Desprez), de la recherche appliquée et du développement, du monde académique (universités d'Angers et de Lille, Agrocampus Ouest), au service de la filière betterave représentée dans son ensemble par l'ITB (Institut technique de la betterave).

En outre, les agriculteurs et les industriels ont été associés dans la mise en œuvre des orientations du programme, au sein d'un comité stratégique. Ils se sont accaparé le projet en échangeant sur ses priorités et en anticipant la diffusion de ses résultats.

Collaboratif

La force du programme AKER réside dans son caractère collectif. Il a réuni une centaine de collaborateurs de toutes disciplines, et qui ont appris à travailler ensemble. Il a permis aux différents partenaires de collaborer, de créer de nouveaux outils et de nouvelles méthodes, de publier dans les revues scientifiques, en un mot d'accélérer la recherche par la puissance collective.



Le comité de coordination du programme AKER.

AKER n'est pas une somme de projets individuels, mais un laboratoire commun. Il se caractérise par une grande cohérence centrée sur une thématique au service d'un objectif : améliorer la compétitivité de la betterave. La dispersion géographique des collaborateurs a été compensée par les échanges initiés lors des comités de coordination annuels, et par la communication interpersonnelle.

Pluridisciplinaire

AKER se situe au carrefour de nombreuses disciplines étudiées par ses différents partenaires, et trouve sa richesse dans cette diversité. Citons la génétique, la physique, l'optique, les mathématiques, la physiologie, la biochimie, la bio-informatique, la robotique, l'agronomie, etc. Il implique des partenaires qui ne sont pas forcément des spécialistes de la betterave, mais qui apportent leur expertise dans leur domaine de prédilection, favorisant « l'innovation ouverte ».

Cette pluridisciplinarité a facilité l'adaptation permanente des collaborateurs à l'évolution des technologies et des connaissances tout au long du programme.

QUEL EST L'EFFET DE LEVIER DU PROGRAMME AKER SUR LE MARCHÉ FRANÇAIS ?

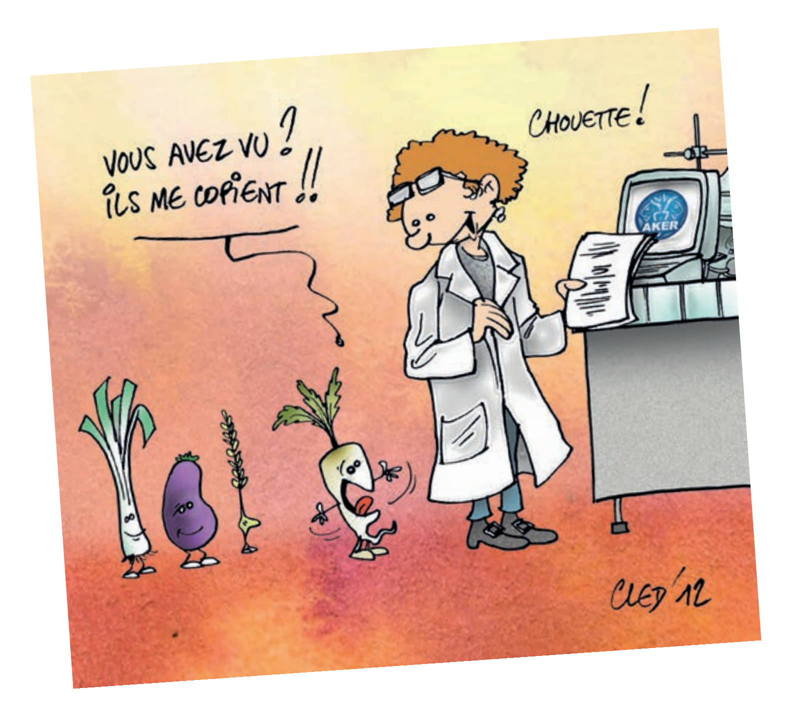
« La betterave à sucre connaît l'une des plus fortes progressions de rendement, depuis plusieurs décennies, grâce à la génétique. Le programme AKER tire son efficience à la fois de la richesse et de la diversité du patrimoine génétique des plantes à l'état sauvage, et de la puissance des technologies disponibles en matière de sélection naturelle. Fort de ces atouts, AKER permettra aux coopérateurs de Cristal Union de répondre au double défi de la progression des rendements en sucre par hectare et de la lutte contre les bioagresseurs, tout en contribuant aux enjeux de l'environnement. »

Olivier de Bohan, président du conseil
d'administration de Cristal Union

■ Un programme transversal

Le programme AKER est par nature transversal grâce à son approche nouvelle et originale de l'exploitation des ressources génétiques exotiques, extrapolable à d'autres espèces cultivées.

AKER produit d'ores et déjà des outils et des méthodes de sélection connus dans d'autres domaines (médical, végétal, vétérinaire…) ou extrapolables à



d'autres espèces. On pense au marquage et au séquençage, mais aussi aux méthodes d'analyse des génomes, aux techniques d'imagerie pour le phénotypage, à la sélection génomique, etc.

La dynamique permettant d'obtenir du matériel génétique plus performant pourra bénéficier à d'autres espèces végétales. En effet, la betterave est une espèce au génome assez petit. Les connaissances accumulées sont, pour la plupart, généralisables voire adaptables à des espèces au génome plus grand et parfois plus complexe comme le blé.

Paysage agricole diversifié où la betterave trouve sa place dans un système de culture.



La particularité de la betterave réside également dans le fait qu'il s'agit d'une plante industrielle à racine et bisannuelle. Toutes les connaissances accumulées sur sa phase végétative, et en particulier sur la racine, son architecture, sa physiologie, etc., seront transposables aux espèces à racines pivotantes ou plus complexes. Sa phase reproductrice, ses porte-graines, sa physiologie de la floraison, ses graines… sont également autant de modèles pour d'autres plantes dont on cherche à améliorer ces caractères.

Le programme AKER repositionne donc la betterave dans le peloton de tête des espèces cultivées mais permet également à d'autres espèces orphelines de recherche, possédant des collections référence, de raccrocher le peloton en mettant à leur disposition les méthodes et les outils mis au point pour la betterave.

QUEL EST L'EFFET DE LEVIER DU PROGRAMME AKER SUR LES MARCHÉS INTERNATIONAUX ?

« La libéralisation du marché a rendu nos exploitations et nos sucreries plus vulnérables aux fluctuations du cours du sucre et, depuis quelques années, les aléas climatiques s'enchaînent. C'est à ce titre que la génétique a encore beaucoup à nous apporter. Le progrès génétique doit nous permettre de sécuriser un haut niveau de rendement malgré les aléas environnementaux (sécheresse, à-coups climatiques, parasitisme, gel…) et les changements sociétaux. Le programme AKER a été un pari, une marque de confiance de la filière et de l'État envers la recherche, et c'est un pari qui semble en passe d'être réussi. AKER sera un des outils qui permettra d'ouvrir le champ des possibles et de participer à la sécurisation de la production betteravière. »

Jean-Charles Lefebvre, président du conseil de surveillance de Tereos

Un *continuum* recherche-enseignement-entreprise

Agrocampus Ouest et l'université de Lille ont proposé chaque année dès le départ une semaine de formation pour des étudiants de niveau Master autour de la betterave et du programme AKER.

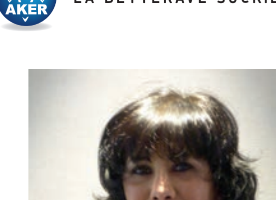
Une collaboration originale entre une grande école et une université a permis de réunir plus de 200 étudiants au total sur une durée de huit ans, en présentiel à Rennes à Agrocampus Ouest et en visioconférence à l'université de Lille. Le module de niveau Master (1 et 2) proposé s'intitule : « Sélection assistée par marqueurs et sélection génomique : application à une plante allogame, la betterave sucrière ».



L'originalité de cette collaboration réside à la fois dans le fait d'intégrer de la formation dans un programme de recherche, et dans les modalités et le fonctionnement de cette formation. Celle-ci alterne en effet cours théoriques, applications pratiques, travaux dirigés, et tables rondes élargissant les échanges grâce à la transversalité permise par le programme AKER.

Cet aller-retour théorie-pratique permet d'associer des intervenants de l'enseignement, mais aussi des partenaires chercheurs et acteurs du programme AKER. Les discussions en table ronde, à l'invitation des étudiants, ont permis d'élargir la palette des intervenants à des chercheurs de l'Inra, des obtenteurs (Florimond Desprez, Limagrain), des instituts techniques agricoles (ITB, Arvalis – institut du végétal, Terres Inovia), ainsi qu'à d'autres chercheurs.

La forte implication des acteurs de la filière betterave dans ce module apporte une vraie plus-value à la formation. Elle constitue un exemple de retour concret des nouvelles méthodologies de sélection développées dans les entreprises. Cette formation est aussi le moment d'une participation active des étudiants, notamment *via* la synthèse/restitution orale des points forts de la semaine qu'ils réalisent et discutent avec les différents partenaires du programme AKER.



Directrice de l'Institut de génétique, environnement et protection des plantes (IGEPP) et professeure en génétique et amélioration des plantes à Agrocampus Ouest, Maria Manzanares-Dauleux fait le lien entre la recherche, la formation et les entreprises. Ce qui se vérifie dans le cadre du programme AKER.

MARIA MANZANARES-DAULEUX : *CONTINUUM*, COCONSTRUCTION, PARTENARIAT

Originaire d'Espagne, Maria Manzanares-Dauleux a fait ses études à l'université des sciences Complutense à Madrid, puis a réalisé un DEA de génétique d'amélioration des plantes à l'Ensa de Rennes, et enfin une thèse de doctorat sur la résistance génétique de l'artichaut aux virus. À partir des années 2000, elle a travaillé à l'Inra de Rennes avant d'officier comme professeure en génétique et amélioration des plantes à Agrocampus Ouest.

À travers l'Igepp, la plus grosse unité mixte de recherche sur le végétal, située en Bretagne, Maria estime qu'il faut établir un *continuum* entre la recherche fondamentale et la recherche appliquée. « Ce *continuum* permet de répondre aux évolutions rapides de la science, de traduire les innovations dans l'enseignement et de les transmettre le plus vite possible aux étudiants. »

Selon elle, la formation doit être le résultat d'une coconstruction entre les universités, les écoles et les entreprises, ne serait-ce que par les stages, les thèses, etc. « Cela passe par des partenariats, à l'instar de ce qui s'est fait avec Agrocampus Ouest, l'université de Lille et Florimond Desprez pour la construction d'un module de formation dans le cadre du programme AKER », explique-t-elle.

Ce triptyque « *continuum*, coconstruction, partenariat » est vécu également par Maria Manzanares-Dauleux dans d'autres secteurs où les interactions entre les filières et les entreprises fonctionnent bien. Et, pour boucler la boucle, elle conclut : « Il faut que les innovations soient acceptées par la société. »



Étudiants en formation sur le programme AKER.

JEAN-LOUIS HILBERT : PRÉPARER LA RELÈVE DANS LA RECHERCHE VÉGÉTALE

« Nous devons attirer des jeunes vers la recherche, rendre attractif le végétal, former les futurs chercheurs au-delà du programme AKER et préparer la relève », assure Jean-Louis Hilbert, formé à l'université de Nancy et directeur adjoint de l'unité mixte de recherche transfrontalière Terra-Viollette à l'université de Lille. Il s'agit tout d'abord de valoriser les modules de formation existants et d'inculquer aux futurs chercheurs « l'esprit AKER », par exemple sur les nouveaux outils de la génomique, le séquençage, l'étude de l'expression du génome, l'analyse de la diversité, etc.
« Cette démarche s'est mise en place pour des étudiants de niveau Master, mais aussi pour des personnels techniques qui souhaitaient actualiser leurs connaissances sur la plante », souligne Jean-Louis. Elle a été étendue aux chercheurs en activité de niveau ingénieur, alimentée par des intervenants extérieurs, qu'ils soient ou non liés au programme AKER.
La particularité de ces formations à tous niveaux réside dans le fait qu'elles concernent à la fois l'université de Lille et Agrocampus Ouest, avec la collaboration de Florimond Desprez. « Nous avons mutualisé nos formations », complète Jean-Louis Hilbert, même si chacun des pôles a ses particularités : la génomique pour Lille, la génétique pour Agrocampus Ouest. Le lien entre la recherche et l'enseignement se fait par la pédagogie, une dimension intrinsèque du programme AKER. »



Jean-Louis Hilbert, professeur des universités à l'université de Lille, assure le lien entre l'enseignement et la recherche, une particularité et un atout du programme AKER pour garantir la relève.

L'ouverture à d'autres Programmes d'investissements d'avenir ayant les mêmes préoccupations a permis de comparer des stratégies, des moyens, des interprétations. Ainsi, en 2016, les acteurs travaillant sur le colza dans le cadre du programme *Rapsodyn* ont été conviés. Ce partage d'expériences a été reconduit en 2017 avec les chercheurs travaillant sur le pois dans le cadre du programme *PeaMust*.

Par ailleurs, de nombreuses interventions ont eu lieu durant le programme AKER dans d'autres établissements d'enseignement supérieur agricole ou agronomique, qu'ils soient de niveau technicien ou ingénieur (UniLaSalle, ISA Lille, Institut de Genech, etc.).

Cette approche recherche–formation sera sans aucun doute généralisée à tout nouveau programme de recherche, en la faisant évoluer vers la notion de coconstruction (*codesign*). La pédagogie novatrice ainsi mise en œuvre part de l'exposé des problématiques, se poursuit par un travail réalisé par les étudiants et se termine par un échange critique avec les experts.

La force de la communication

Le programme AKER s'est doté d'un véritable plan de communication qui passe par la création d'une identité, la définition des messages-clés, la mise en place d'une programmation pluriannuelle et l'accompagnement des collaborateurs dans la durée.



Au départ, le programme AKER s'est adjoint les services d'un responsable de communication et d'un comité éditorial, où siègent des chercheurs et des communicants, chargé de piloter/valider la communication. Une identité graphique a été définie et a contribué à forger l'image et la réputation du programme.

La priorité a été de bâtir, au moyen de la communication interne, un esprit d'équipe avec des collaborateurs qui ne se connaissaient pas à l'origine et qui ont construit ensemble le projet. Ils ont eux-mêmes acquis le réflexe d'une communication participative.

Les chercheurs ont été associés à la communication externe et accompagnés dans leur contribution par la coréalisation de nombreux articles, portraits,

dossiers, etc. La démarche de communication mise en œuvre part en effet du principe que les chercheurs sont les mieux placés pour parler des objectifs, des méthodes, des travaux et des résultats… sans attendre la fin du programme. AKER s'est doté par conséquent d'un plan pluriannuel mettant en évidence chaque année une thématique de communication et donnant lieu à un dossier conséquent, avec la collaboration de chacun des partenaires concernés.



Voyage de presse organisé sur une plateforme de phénotypage.

Présence d'AKER sur des manifestations professionnelles de type Betteravenir, salon organisé par l'ITB.



www.aker-betterave.fr









Quelques visuels des supports de communication.

Un site Internet a été créé dès l'origine pour porter l'ensemble des messages et des contenus. Il a été renforcé par la suite par l'édition de lettres d'information régulières et la mise en place d'un compte Twitter. Des posters, des brochures ont été publiés aux étapes-clés du programme, et de nombreuses vidéos ont été réalisées. Une réunion de lancement du programme AKER a été organisée en 2012 et un colloque scientifique international l'aura clôturé en 2020. La synthèse des travaux se retrouve dans l'édition de cet ouvrage.

AKER a participé à de nombreuses manifestations professionnelles, et notamment au salon Betteravenir orchestré par l'ITB en 2016. Les contacts ont été entretenus régulièrement avec les journalistes, et deux voyages de presse ont été organisés sur le terrain au cours du programme : sur la thématique du phénotypage des semences à Angers (2014) et sur une plateforme de phénotypage au champ (2018).

Ce plan de communication contribue à la fierté d'appartenance des collaborateurs au programme AKER, et à sa notoriété pendant sa durée et au-delà.

HÉLÈNE DORCHIES : FAIRE PREUVE D'EMPATHIE

Hélène détient une maîtrise en marketing et communication, le métier lui plaît mais elle s'aperçoit qu'il lui manque l'écriture. Elle effectue alors un master en communication et journalisme en alternance. Après un passage en agence de relations publiques, elle retourne « chez l'annonceur » à l'Institut de l'élevage, puis à l'ITB.
Elle estime être au service d'un institut technique agricole pour diffuser les résultats des travaux de recherche appliquée de ses collègues et, par là même, participer à l'amélioration des pratiques. Elle insiste sur le terme de service et poursuit : « Établir la relation entre les planteurs, la filière et mes collègues, écouter et faire preuve d'empathie, émettre un message pour que le récepteur l'entende et surtout l'écoute. » Mais pas n'importe comment. « Le problème, ce n'est pas tant quoi dire, mais comment le dire », poursuit-elle.
Venue du monde de l'élevage, Hélène Dorchies observe avec acuité les évolutions de l'agriculture et de la société. Elle constate que les critiques émises à l'encontre du secteur animal apparues il y a plusieurs années atteignent de plus en plus le végétal. Cela provient, selon elle, du fait que la société en a une image déconnectée de la réalité. Hélène conclut : « Il faut que le monde agricole montre ce qu'il fait, explique comment notre alimentation est produite, montre comment les agriculteurs travaillent : la technicité de leur métier et leur souci constant de fournir des produits de qualité. »



Pour Hélène Dorchies, responsable communication à l'ITB, l'une des clés de son métier est l'empathie. De plus, le monde agricole doit montrer à la société son savoir-faire et la qualité de son travail.



Chargée de communication au Geves (Groupe d'étude et de contrôle des variétés et des semences), Nathalie Augé attache beaucoup d'importance à la pédagogie et à la valorisation du travail des experts du végétal.

NATHALIE AUGÉ : COMMUNIQUER UNE PAROLE D'EXPERT

Ingénieure agronome, Nathalie Augé a démarré sa carrière comme enseignante de matières scientifiques en établissement d'enseignement agricole, puis comme responsable d'établissement. « Transformer des données scientifiques en éléments de compréhension simples m'a toujours passionnée, la pédagogie m'est bien utile aujourd'hui », déclare Nathalie. Elle définit la mission du Geves par cette signature communicante : « Une expertise, du gène à la plante en passant par la semence, sur l'ensemble des espèces cultivées ». Elle aime donner à ses visiteurs une vision concrète de cet organisme, en resituant son action dans une perspective de filière, grâce à une frise où elle a rassemblé toutes les étapes et tous les partenaires de la semence.

« En termes de communication, nous avons de nombreuses demandes de la part de nos collègues, mais nous commençons toujours par les objectiver ensemble : à qui voulez-vous vous adresser ? Pourquoi ? Comment ? » Nathalie a piloté la construction du nouveau site Internet avec une démarche différente : « Nous voulions partir des besoins des utilisateurs, et non pas de la description de nos missions. »

À travers la Station nationale d'essais de semences, au sein du Geves, Nathalie a suivi le programme AKER sur le plan technique (phénotypage des semences et des plantules) et elle participe à la dynamique de communication initiée parmi les partenaires.

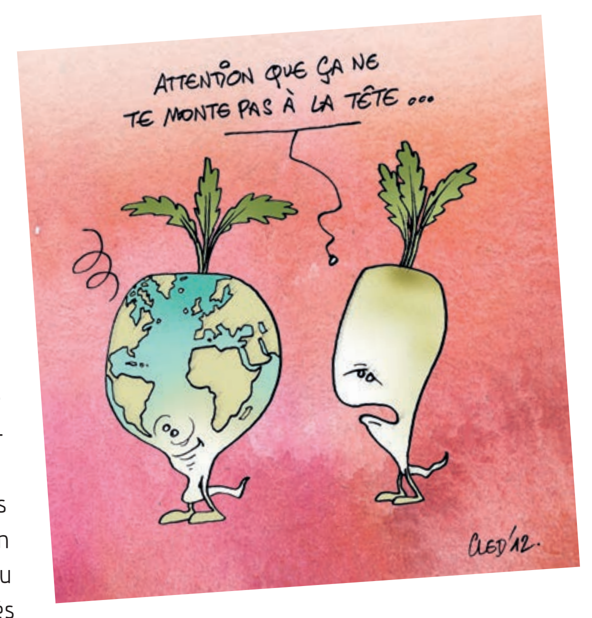
Une dimension internationale

Si la vocation du programme AKER est nationale, sa dimension est internationale, car ses résultats présentent un intérêt pour la communauté scientifique et permettront de repousser les limites actuelles de la betterave.

Le programme AKER a pour ambition de renforcer la compétitivité de la betterave par rapport à la canne, dominante au plan mondial, même si la betterave à sucre est cultivée dans une cinquantaine de pays. Les responsables du programme AKER ont instauré dès le départ un comité scientifique composé d'une dizaine de membres, qui sont pour moitié des scientifiques étrangers reconnus pour leurs compétences et leur approche internationale en matière de recherche betteravière ou de génomique.

Les chercheurs ont pris leur bâton de pèlerin pour présenter les objectifs et les résultats du programme AKER dans les colloques scientifiques, par exemple au PAG (*Plant & Animal Génome*) à San Diego (Californie), à l'assemblée générale de l'ASSBT (*American Society of Sugar Beet Technologists*).

Plus près de nous, en Europe, de nombreux chercheurs impliqués dans AKER ont participé aux différents congrès de l'IIRB (Institut international de recherche betteravière) et les responsables ont fait le point lors des congrès de la CIBE (Confédération internationale des betteraviers européens) et du CEFS (Comité européen des fabricants de sucre). Florimond Desprez a pour sa part accueilli le congrès de l'AMPBCS (Association mondiale des planteurs de betteraves et de canne à sucre).



La recherche sur la betterave n'est pas isolée, les chercheurs travaillent dans un monde interdépendant et les résultats du programme AKER pourront être utilisés dans différents contextes. En observant les capacités d'adaptation de la betterave et en repoussant leurs limites, on peut imaginer conquérir de nouvelles zones géographiques, de nouveaux pays, de nouveaux marchés.

Le congrès de l'Association mondiale des planteurs de betteraves et de canne à sucre (AMPBCS) reçu chez Florimond Desprez.


AKER
Betterave2020
L'innovation compétitive

ET MAINTENANT, QUELLES PERSPECTIVES À 360° POUR LE PROGRAMME AKER ?



Christian Huyghe, directeur scientifique Agriculture INRAE, chef de projet AKER, conclut cet ouvrage en affirmant que les perspectives du programme sont d'une richesse inédite pour le monde de la betterave et, au-delà, alimentent avec exemplarité les débats du monde scientifique.

« Le programme AKER a été une merveilleuse aventure scientifique, lancée en 2012, dans un contexte agricole et économique largement décrit dans cet ouvrage et dont les conditions pressenties en 2012 se sont largement confirmées, à savoir la concurrence mondiale sur le marché du sucre et les exigences de performance environnementale pour les productions.

Le pari scientifique, gagné par AKER, reposait sur l'idée d'un élargissement de la diversité génétique disponible pour la sélection de la betterave sucrière, rendu possible par les techniques de biologie moléculaire, par les technologies de phénotypage à haut débit, depuis la graine et la plantule jusqu'à la racine en passant par le développement des plantes au champ. Il reposait également sur le savoir-faire de toutes les personnes impliquées dans les travaux, faisant ainsi de cette aventure scientifique une formidable aventure humaine.

Les perspectives à 360° pour les suites du programme AKER sont d'une richesse inédite.

En termes de progrès génétique, l'élargissement très significatif de la diversité permet d'envisager un progrès important pour les caractères agronomiques majeurs, sous contrôle polygénique, et cela pour plusieurs décennies. Il devrait en être de même pour les caractères sous contrôle oligogénique dont les allèles sont peu fréquents, notamment les résistances aux bioagresseurs.

En termes de méthodologie d'amélioration génétique et de caractérisation des variétés, le programme AKER a créé une ressource unique de technologies de génotypage et de phénotypage. Elles seront utilisables par les sélectionneurs et les semenciers. Il faudra également les utiliser dans le cadre de l'inscription des variétés au Catalogue national et européen. Le fait d'avoir travaillé en étroite proximité avec le CTPS et avec le Geves, partenaire du projet, est de ce fait un atout considérable qu'il faudra rapidement jouer.

Enfin, au moment où de vives discussions agitent le monde scientifique sur la place qu'il convient de donner aux *New Breeding Technologies* (NBT), le programme AKER a dessiné, avec exemplarité, une nouvelle ligne de conciliation entre, d'une part, une exploration méthodique des ressources génétiques utilisant les technologies les plus récentes, et, d'autre part, une mise en œuvre de ces techniques d'édition du génome là où aucune variabilité génétique n'existe.

Cette avancée souligne également l'extrême attention qu'il convient d'accorder à la caractérisation et à la préservation des ressources génétiques, confortant ainsi la dynamique mise en œuvre aujourd'hui dans le domaine des ressources phytogénétiques et attirant l'attention sur les incidences négatives potentielles liées aux difficultés du Tirpaa (Traité international sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture). »



Glossaire

Accession. Lot identifié de semences d'une collection (banque) de semences.

ADN (acide désoxyribonucléique). Macromolécule support de l'information génétique, composée de deux brins associés en hélice droite et constitués d'un enchaînement de désoxyribonucléotides.

ADN intergénique. ADN non codant, de plus en plus étudié et qui semble impliqué dans la structure de la chromatine. Plus particulièrement, les dernières recherches ont montré un rôle crucial de ces régions dans la régulation de l'expression des gènes par modification de l'état de la chromatine sur de grandes régions chromosomiques.

ADN microsatellite. Type d'ADN répété constitué de répétitions de très courts motifs comme des di-, des tri- ou des tétranucléotides. Aussi appelé *simple sequence repeats* (SSR).

Allèle. Variante d'un même gène au même locus. Au sein d'une espèce, les génomes des individus sont tous différents. Ce polymorphisme génétique est dû à l'apparition de mutations qui sont des variations de la séquence nucléotidique. Il peut donc exister dans les populations naturelles plusieurs séquences différentes pour un même locus. On parle de différents allèles.

Amélioration des plantes. Multiplication et manipulation génétique par hybridation ou croisement délibéré de plantes dans le but de sélectionner des descendances améliorées.

ARN (acide ribonucléique). Polymère constitué d'un enchaînement linéaire de ribonucléotides.

ARNm. L'acide ribonucléique messager, ARN messager ou ARNm est une copie transitoire d'une portion de l'ADN correspondant à un ou plusieurs gènes. L'ARNm est utilisé comme intermédiaire par les cellules pour la synthèse des protéines.

Autofécondation. Système de reproduction par lequel une plante se reproduit avec elle-même.

Banque de gènes. Dispositif de conservation *ex situ* de matériel génétique. Dans le cas des plantes, cela peut se faire par la congélation de boutures prélevées sur la plante, ou de graines.

Big data. Combinaison de progrès technologiques, en lien avec la massification des données, et d'innovations d'usage de ces données. Un ensemble d'innovations technologiques transforme depuis quelques années la façon dont les données sont générées (avec notamment des volumes et des débits exponentiels), transmises, stockées et utilisées, et cela de façon de plus en plus distribuée (*via* le *cloud*).

Bio-informatique. Science à l'interface des disciplines numériques (informatique et mathématiques) et des sciences de la vie (biochimie, biologie, microbiologie, écologie, épidémiologie). Les scientifiques de la vie génèrent une quantité croissante de nouvelles données portant sur les génomes, les biomolécules, les organismes, leurs interactions et leur évolution.

Carte physique. Ordonnancement de fragments clonés chevauchants reconstituant la molécule d'ADN de départ. C'est à partir de cette carte que sera choisi l'ensemble minimal de fragments assurant la couverture complète du génome à séquencer. Les distances entre les différents marqueurs, mesurées en paires de bases (pb), sont dites absolues.

Carte génétique. Construction d'une carte soit localisée autour d'un gène, soit à base large portant sur le génome entier. Plus généralement, il s'agit de la détermination de la position d'un locus (gène ou marqueur génétique) sur un chromosome en fonction du taux de recombinaison génétique. Son unité de distance est le centimorgan (cM).

Caryotype. Le caryotype (ou caryogramme) est l'arrangement standard de l'ensemble des chromosomes d'une cellule, à partir d'une prise de vue microscopique. Les chromosomes sont photographiés et disposés selon un format standard : par paires et classés par taille, et par position du centromère.

Chromosome. Structure microscopique constituée par l'association de protéines à une molécule d'ADN représentant tout ou partie d'un génome.

Chromosomes homologues. Des chromosomes homologues (une paire de chromosomes homologues forme un bivalent), encore appelés autosomes (uniquement pour les chromosomes non sexuels), sont des chromosomes appartenant à la même paire, de même taille, possédant les mêmes gènes, mais pas obligatoirement les mêmes allèles. Chez les organismes diploïdes, l'un des chromosomes homologues est d'origine maternelle, l'autre d'origine paternelle.

Collection (de ressources génétiques). Rassemblement d'individus domestiqués (variétés traditionnelles, cultivars anciens et modernes, et lignées améliorées) et d'espèces apparentées sauvages ou adventices.

Déséquilibre de liaison. Le déséquilibre de liaison est lié à la proximité physique des marqueurs sur le génome. Si deux marqueurs sont proches physiquement, le déséquilibre entre eux est important ; s'ils sont éloignés, le déséquilibre est faible.

Distance génétique. Degré de parenté entre des génomes différents.

Diversité génétique. Variation dans la composition génétique d'individus d'une espèce ou d'individus d'espèces différentes ; variation génétique héritable intra- ou interpopulations.

Empreinte génétique. Caractéristique structurale fine d'une région spécifique de l'ADN permettant d'identifier une cellule et sa filiation.

Enjambement *(crossover)*. Le *crossover*, appelé aussi *crossing-over* ou enjambement, est un phénomène génétique qui a lieu lors de la méiose et qui contribue au brassage génétique lors de la reproduction (recombinaison génétique).

Érosion génétique. Perte de diversité génétique au fil du temps entre ou au sein de populations, ou réduction de la base génétique d'une espèce.

Étiquetage génétique. Insertion d'un marqueur génétique dans ou au voisinage d'un gène.

Gène. Séquence d'acide désoxyribonucléique (ADN) qui spécifie la synthèse d'une chaîne de polypeptides ou d'un acide ribonucléique (ARN) fonctionnel. On peut également définir un gène comme une unité d'information génétique. Celle-ci est transmise de cellule en cellule au cours du processus de la mitose, après duplication du matériel génétique (chromosome[s]). L'ensemble du matériel génétique d'une espèce constitue son génome.

Génétique d'association. Méthodologie récente qui permet d'accéder à des caractères complexes, sans avoir besoin de séquencer tous les gènes impliqués. Elle permet aussi de tester un grand nombre de génotypes et d'explorer un large spectre de diversité génétique. Elle consiste à « associer » statistiquement les variations des caractères (phénotype) aux variations du génome.

Génétique des populations. Étude quantitative et mesure de populations en termes statistiques. Par exemple, étude de phénomènes génétiques en termes de paramètres génétiques standards tels que des tables et distributions de fréquence, des moyennes, des variances et des écarts-types.

Génie génétique. Ensemble de techniques permettant de modifier le patrimoine héréditaire d'une cellule par la manipulation de gènes *in vitro*. Ensemble des outils et des techniques de la biologie moléculaire permettant, de manière contrôlée, l'étude de la modification des gènes : leur isolement, leur clonage, leur séquençage, leur découpage… dans un but de recherche fondamentale ou appliquée.

Génome. Ensemble du matériel héréditaire composé d'acides nucléiques (ADN ou ARN) d'un organite cellulaire, d'un organisme ou d'une espèce. Le génome nucléaire d'une plante est porté par ses chromosomes.

Génotype. Ensemble des allèles d'un individu. Au sens restreint, ensemble des allèles d'un individu à des locus particuliers.

Génotypage. Détermination moléculaire du génotype ou fraction représentative du génotype d'un individu.

Groupe de liaison. Ensemble des locus qui apparaissent liés par analyse de leur transmission héréditaire.

Hybridation cellulaire. La fusion cellulaire ou hybridation cellulaire est la formation *in vitro* d'une seule cellule hybride par l'union de deux cellules provenant de différentes espèces. Dans la cellule hybride, les noyaux donneurs peuvent rester séparés ou peuvent fusionner, mais, durant les divisions cellulaires ultérieures, un seul fuseau mitotique se forme, de sorte que chacune des cellules-filles aura un seul noyau contenant des jeux de chromosomes, complets ou partiels, de chaque lignée parentale.

Hybridation moléculaire. Association de chaînes d'acides nucléiques simple brin dans l'objectif de former des doubles brins.

Imagerie multispectrale. L'imagerie multispectrale enregistre en une seule prise de vue plusieurs longueurs d'onde qui sont isolées en vue d'analyses spécifiques et de techniques de recombinaison. Cela permet une analyse des détails beaucoup plus fine et la visualisation de détails non visibles à l'œil nu.

Imagerie hyperspectrale. La spectro-imagerie, également appelée imagerie hyperspectrale par opposition à l'imagerie multispectrale ou superspectrale, est une technologie permettant la représentation d'une scène suivant un grand nombre de bandes spectrales (généralement plus d'une centaine), étroites (≤ 10 nm) et contiguës.

In silico. Néologisme d'inspiration latine désignant une recherche ou un essai effectué au moyen de calculs complexes informatisés ou de modèles informatiques. Cette expression est utilisée dans les domaines de la génomique et de la bio-informatique.

In situ. Du latin « sur place ». Expression utilisée pour désigner une opération ou un phénomène observé à l'endroit où il se déroule (sans le prélever, ni le déplacer), par opposition à *ex situ*.

In vitro. Expériences faites en éprouvettes.

In vivo. Du latin « au sein du vivant ». Expression qualifiant des recherches ou des examens pratiqués sur un organisme vivant, par opposition à *in vitro* ou *ex vivo*.

Locus. Position spécifique sur un chromosome où est situé un gène ou un segment particulier d'ADN.

Marqueur génétique. Site d'un chromosome identifiable physiquement et dont la transmission peut être suivie. Allèle, bande sur un gel ou caractère qui sert de preuve expérimentale pour identifier un individu ou une de ses caractéristiques.

Ontologie. Vocabulaire universel et information structurée qui permettent de mieux partager des données acquises par différents chercheurs et surtout d'y faire des recherches automatisées. C'est à la fois un dictionnaire, un lexique, une arborescence, une carte des relations entre les termes qui fonctionne avec une logique en cascade.

PCR *(polymerase chain reaction).* La PCR, réaction de polymérisation en chaîne, est une technique permettant d'obtenir, à partir d'un échantillon d'ADN, d'importantes quantités d'une séquence d'ADN spécifique. Cette amplification repose sur la réplication d'une matrice d'ADN double brin. Elle se décompose en trois phases : dénaturation, hybridation avec des amorces et élongation. Les produits de chaque étape de synthèse servent de matrice pour les étapes suivantes : on réalise ainsi une amplification exponentielle.

Phénotype. Ensemble des caractéristiques observables d'un individu. Pour un caractère donné, le phénotype est le résultat de l'interaction entre le génotype et le milieu.

Phénotypage. Détermination du phénotype d'un ou de plusieurs individus.

Pollinisation croisée. Système de croisement allogame dans lequel les croisements se font entre individus moins apparentés que les paires moyennes choisies au hasard dans la population.

Polymérase. Enzymes qui ont pour rôle la synthèse d'un brin de polynucléotide (ADN ou ARN), le plus souvent en utilisant un brin complémentaire comme matrice et des nucléotides triphosphates (NTP ou dNTP) comme monomères.

Polymorphisme génétique. Variation entre individus dans la séquence de gènes.

QTL *(Quantitative Trait Locus).* Région plus ou moins grande d'ADN étroitement associée à un caractère quantitatif, c'est-à-dire une région chromosomique où sont localisés un ou plusieurs gènes à l'origine du caractère en question.

Récessif *(vs dominant).* En génétique, on parle de récessivité lorsqu'un allèle ne peut donner un phénotype dans le cas où il est seul représentant dans les chromosomes de la cellule considérée (sauf en cas d'haploïdie).

Rétrocroisement. Un rétrocroisement, aussi appelé « croisement en retour », est le croisement d'un hybride avec l'un de ses parents ou avec un individu similaire sur le plan génétique à l'un de ses parents, de manière à obtenir un descendant ayant une identité génétique plus proche de celle du parent.

Sélection génomique. La sélection génomique vise à prédire la valeur génétique de candidats à la sélection. Le modèle prédictif est calibré sur un ensemble d'individus en utilisant leurs évaluations, en général des phénotypes, et leurs génotypes. Il est ensuite appliqué à des candidats à la sélection dont on connaît le génotype pour les mêmes marqueurs et qui n'ont généralement pas été évalués.

Séquençage de l'ADN. Le séquençage de l'ADN consiste à déterminer l'ordre d'enchaînement des nucléotides pour un fragment d'ADN donné.

SNP *(Single Nucleotide Polymorphism).* Le polymorphisme nucléotidique ou polymorphisme d'un seul nucléotide est, en génétique, la variation d'une seule paire de bases du génome, entre individus d'une même espèce.

Principales publications scientifiques

Andrello M., Henry K., Devaux P., Desprez B., Manel S., 2016. Taxonomic, spatial and adaptative genetic variation of *Beta* section *Beta*. *Theor. Appl. Genet.*, 129, 1857–1866.

Andrello M., Henry K., Devaux P., Verdelet D., Desprez B., Manel S., 2017. Insights into the genetic relationships among plants of *Beta* section *Beta* using SNP markers. *Theor. Appl. Genet.*, 130, 257–271.

Belin E., Douarre C., Gillard N., Franconi F., Rojas-Varela J., Chapeau-Blondeau F., Demilly D., Adrien J., Maire E., Rousseau D., 2018. Evaluation of 3D/2D imaging and image processing techniques for the monitoring of seed imbibition. *Journal of Imaging*, 4 (7), p. 83, 1–16.

Belin E., Rousseau D., Benoit L., Demilly D., Ducournau S., Chapeau-Blondeau F., Dürr C., 2015. Thermal imaging for evaluation of seedling growth. *In* : *Plant Image Analysis: Fundamentals and applications* (S. Dutta Gupta, Y. Ibaraki, eds.), chap. 8, CRC Press, Boca Raton, États-Unis.

Benoit L., 2015. Imagerie multimodalité appliquée au phénotypage haut-débit des semences et plantules, thèse de doctorat, université d'Angers, 3 déc. 2015.

Benoit L., Belin E., Dürr C., Chapeau-Blondeau F., Demilly D., Ducournau S., Rousseau D., 2015. Computer vision under inactinic light for hypocotyl-radicle separation with a generic gravitropism-based criterion. *Computers and Electronics in Agriculture*, 111, 12–17.

Benoit L., Benoit R., Belin E., Vadaine R., Demilly D., Chapeau-Blondeau F., Rousseau D., 2016. On the value of the Kullback-Leibler divergence for cost-effective spectral imaging of plants by optimal selection of wavebands. *Machine Vision and Applications*, 27, 625–635.

Benoit L., Rousseau D., Belin E., Demilly D., Chapeau-Blondeau F., 2014. Simulation of image acquisition in machine vision dedicated to seedling elongation to validate image processing root segmentation algorithms. *Computers and Electronics in Agriculture*, 104, 84–92.

Demilly D., Ducournau S., Wagner M.H., Dürr C., 2015. Digital imaging of seed germination. *In* : *Plant Image Analysis: Fundamentals and applications* (S. Dutta Gupta, Y. Ibaraki, eds.,), chap. 7, CRC Press, Boca Raton, États-Unis.

Douarre C., Schielein R., Frindel C., Gerth S., Rousseau D., 2018. Transfer learning from synthetic data applied to root-soil segmentation in X-ray tomography images. *Journal of Imaging*, 4, p. 65, 1–14.

Ducournau S., Charrier A., Demilly D., Wagner M.H., Trigui G., Dupont A., Hamdy S., Boudheri-Giresse K., Le Corre L., Landais L., Delanoue A., Charruaud D., Henry K., Henry N., Ledroit L., Dürr C., 2020. High throughput phenotyping dataset related to seed and seedling traits of sugar beet genotypes. Data in brief. DOI : 10.1016/j.dib.2020.105201.

Gorretta N., Hadoux X., Jay S., 2014. A spectral-spatial approach for hyperspectral image classification using spatial regularization on supervised score. 5th IASIM conference in spectral imaging (IASIM), Rome, Italie, 3–5 décembre.

Jay S., Baret F., Cohen D., Malatesta G., Héno S., Comar A., Weiss M., Maupas F., 2018. Exploiting the centimeter resolution of UAV multispectral imagery to improve remote-sensing estimates of canopy structure and biochemistry in sugar beet crops. *Remote Sensing of Environment*, 231, 110898.

Jay S., Comar A., Benicio R., Beauvois J., Dutartre D., Daubige G., Li W., Labrosse J., Henry N., Weiss M., Baret F., 2019. Scoring Cercospora Leaf Spot on sugar beet: comparison between ground and UAV phenotyping systems. *PlantPhenomics*, D-19-00042.

Jay S., Gorretta N., Morel J., Maupas F., Bendoula R., Rabatel G., Dutartre D., Comar A., Baret F., 2017. Estimating leaf chlorophyll content in sugar beet canopies using millimeter- to centimeter-scale reflectance imagery. *Remote Sensing of Environment*, 198, 173-186.

Jay S., Hadoux X., Gorretta N., Rabatel G., 2014. Potential of hyperspectral imagery for nitrogen content retrieval in sugar beet leaves. International Conference on Agricultural Engineering (AGENG), Zurich, Suisse, 6-10 juillet.

Jay S., Maupas F., Bendoula R., Gorretta N., 2017. Retrieving LAI, chlorophyll and nitrogen contents in sugar beet crops from multi-angular optical remote sensing: Comparison of vegetation indices and PROSAIL inversion for field phenotyping. *Field Crops Research*, 210, 33-46.

Jay S., Rabatel G., Hadoux X., Moura D., Gorretta N., 2015. In-field crop row phenotyping from 3D modeling performed using Structure from Motion. *Computers and Electronics in Agriculture*, 110, 70-77.

Manel S., Andrello M., Henry K., Verdelet D., Darracq A., Guerin P.E., Desprez B., Devaux P., 2018. Predicting genotype environmental range from genome-environment associations. *Molecular Ecology*, 27, 2823-2833.

Mangin B., Sandron F., Henry K., Devaux B., Willems G., Devaux P., Goudemand E., 2015. Breeding patterns and cultivated beets origins by genetic diversity and linkage disequilibrium analyses. *Theoretical and Applied Genetics*, 128, 2255-2271.

Pegot-Espagnet P., Guillaume O., Desprez B., Devaux B., Devaux P., Henry K., Henry N., Willems G., Goudemand E., Mangin B., 2019. Discovery of interesting new polymorphisms in a sugar beet (elite × exotic) progeny by comparison with an elite panel. *Theoretical and Applied Genetics*, 132, 3063-3078.

Rousseau D., Chéné Y., Belin E., Semaan G., Trigui G., Boudehri K., Franconi F., Chapeau-Blondeau F., 2015. Multiscale imaging of plants: Current approaches and challenges. *Plant Methods*, 11, p. 6, 1-9.

Les partenaires du programme Aker

INRAE, direction scientifique Agriculture

L'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) est un organisme français de recherche en agronomie fondé en 1946, ayant le statut d'établissement public à caractère scientifique et technologique (EPST), et placé sous la double tutelle du ministère chargé de la Recherche et du ministère chargé de l'Agriculture. Premier institut de recherche agronomique en Europe et deuxième dans le monde en nombre de publications en sciences agricoles et en sciences de la plante et de l'animal, INRAE mène des recherches finalisées pour une alimentation saine et de qualité, pour une agriculture durable, et pour un environnement préservé et valorisé. Il est issu de la fusion entre l'Inra et Irstea. www.inra.fr

INRAE, LIPM, Toulouse

Le laboratoire des Interactions plantes-microorganismes (LIPM) est une unité mixte de recherche CNRS-INRAE. Le LIPM explore en priorité les interactions entre les plantes et les microorganismes symbiotiques ou pathogènes, par des études concertées des partenaires microbiens et végétaux. Ces recherches sont réalisées sur un petit nombre d'espèces modèles (*Arabidopsis thaliana, Medicago truncatula*), mais aussi plus récemment sur des modèles d'intérêt agronomique tels que le tournesol, la tomate ou la betterave. www6.toulouse.inra.fr/lipm

INRAE, Urgi, Versailles

L'unité de recherche en Génomique-info (Urgi) est dédiée à la génomique des plantes et de leurs pathogènes. Son activité de recherche porte sur la structure et la dynamique du génome. L'Urgi comprend à ce jour deux équipes : l'une dédiée au développement d'outils pour l'analyse des génomes de plantes et de champignons, l'autre au développement du système d'information et de l'intégration de données. L'unité héberge une plateforme bio-informatique appartenant à l'Institut français de bio-informatique (IFB). https://urgi.versailles.inra.fr



INRAE, IRHS, Angers

L'Institut de recherche en horticulture et semences (IRHS) regroupe les principaux acteurs de la recherche angevine en biologie végétale, sous les tutelles d'INRAE, d'Agrocampus Ouest et de l'université d'Angers. Ce laboratoire rassemble les expertises de généticiens/génomiciens, phytopathologistes, physiologistes/écophysiologistes, biochimistes, modélisateurs, bio-informaticiens et biophysiciens au service de la qualité et de la santé des espèces horticoles, et de la production de semences. https://www6.angers-nantes.inra.fr/irhs

INRAE, ITAP, Montpellier

L'UMR ITAP (Information et technologie pour les agroprocédés) développe des sciences et des technologies dans le but de mettre au point des équipements pour une agriculture durable et respectueuse de l'environnement. Au sein de l'ITAP, le laboratoire COMiC (Capteurs optiques pour les milieux complexes) s'intéresse à la conception de systèmes optiques et de méthodes de traitement de données en milieux complexes : imagerie multi- et hyperspectrale ; optique instrumentale et spectrométrie ; chimiométrie. https://itap.irstea.fr



Université d'Angers, Laris

Le Laboratoire angevin de recherche en ingénierie des systèmes (Laris) dépend de l'université d'Angers et travaille dans le domaine des sciences et technologies de l'information. Sur la place d'Angers, le Laris participe au développement de la plateforme d'instrumentation et d'imageries pour le végétal « Phenotic ». Différentes techniques d'imagerie sont examinées pour leur apport au phénotypage, certaines ont vocation à contribuer au phénotypage automatisé haut débit, d'autres sont plus exploratoires. www.univ-angers.fr



Geves, Angers

Le Groupe d'étude et de contrôle des variétés et des semences (Geves) a pour mission de mener les études nécessaires à l'homologation des variétés végétales nouvelles pour leur inscription au Catalogue officiel français, la protection juridique du droit des obtenteurs, la certification des semences avant leur commercialisation dans le cas des espèces soumises à une certification réglementaire. Il agit pour la description des variétés, l'évaluation du progrès génétique et l'appréciation de la qualité des semences. www.geves.fr



Agrocampus Ouest, Rennes

Agrocampus Ouest a une triple vocation de formation-recherche-innovation. L'établissement met les compétences de ses enseignants-chercheurs au service d'étudiants inscrits dans quatre cursus d'ingénieurs et autres formations allant de la licence au doctorat, pour former des professionnels du vivant, *managers* et citoyens engagés. Ces missions sont déclinées dans une double approche : intégrative et pluridisciplinaire, du gène à l'agrosystème ; territoriale, du local au global. www.agrocampus-ouest.fr



Université de Lille

L'université de Lille, université pluridisciplinaire d'excellence au cœur de l'Europe du Nord, est riche d'un patrimoine culturel et scientifique exceptionnel inscrit dans l'histoire de la région des Hauts-de-France. Forte de ses 72 000 étudiants, 6 700 collaborateurs, 66 unités de recherche et d'une offre de formation qui couvre l'ensemble des champs disciplinaires, elle s'impose comme un acteur majeur de la région pour la formation, la recherche et l'innovation, et par son engagement sur les questions de société. www.univ-lille.fr



Institut technique de la betterave

Organisme de recherche appliquée, l'Institut technique de la betterave (ITB) est le référent technique de la filière betterave à sucre : producteurs de betterave et fabricants de sucre, d'alcool et d'éthanol. En phase avec les attentes sociétales et environnementales, il mène des études dans quatre grands domaines : génétique et variétés, désherbage, maladies et ravageurs, agronomie et agroéquipements. L'ITB dispose d'un pôle d'expérimentation au Griffon (Aisne) et de huit délégations régionales. www.itbfr.org



Florimond Desprez

Florimond Desprez est une entreprise indépendante et familiale qui exerce les métiers d'obtenteur de variétés et de producteur de semences. Le groupe est un des *leaders* mondiaux des semences de betterave et se situe parmi les premiers obtenteurs européens en céréales à paille. Il est également un des acteurs majeurs du marché du plant de pommes de terre en Europe. Son Laboratoire betteraves et chicorée (LBE) s'appuie sur les travaux du Laboratoire de génétique et de biométrie (LGB), qui a pour mission d'apporter du matériel génétique nouveau et des outils d'aide aux sélectionneurs, sur ceux du Laboratoire de biotechnologies (LBI), qui fournit des outils d'aide à la sélection en cytologie, biologie cellulaire et biologie moléculaire, et enfin sur ceux du Laboratoire SmartPath (LSP) qui apporte son expertise en phytopathologie. www.florimond-desprez.com

Les collaborateurs du programme AKER

Les responsables du programme AKER remercient vivement tous les collaborateurs – chercheurs et techniciens ; permanents, temporaires et saisonniers ; membres des différents comités – qui ont œuvré tout au long des huit années pour assurer la réussite de cette formidable aventure au service des acteurs de la filière betterave sucrière. (FD : Florimond Desprez)

Anne-Françoise Adam-Blondon, INRAE-Urgi
Juliette Adrian, ITB
Évelyne Alavo, ANR
Françoise Alfama, INRAE-Urgi
Marco Andrello, université de Montpellier
Nathalie Augé, Geves
Frédéric Baret, INRAE, UMR Emmah
Stephen Barnes, SESVanderHave
Michèle Beguinel, Agrocampus Ouest
Étienne Belin, université d'Angers – Laris
Ryad Bendoula, INRAE – UMR ITAP
Landry Benoit, université d'Angers – Laris
Suzanne Blocaille, ITB
Karima Boudheri-Giresse, Geves
Carole Caranta, INRAE, département BAP
Frédéric Carlier, FD
André Chabeniuk, FD
Danièle Chalain, Geves
François Chapeau-Blondeau, université d'Angers – Laris
Alain Charcosset, INRAE – Le Moulon
Baptiste Charlet, FD
Aurélie Charrier, Geves
Dorothée Charruaud, INRAE-Urgi
Arnaud Chauveau, FD
François-Xavier Chombart, FD
Angélique Clément, FD
Benoît Dauchy, FD
Jean-François Dauchy, FD
Cécile de Scheerder, FD
Angélique Delanoue, Geves
Hubert Delesalle, FD
Alexandre Delivyne, FD
Didier Demilly, Geves
Christophe Descamps, FD
Marie-Claire Descamps, FD
Anne Despouy, SNFS
Bruno Desprez, FD
François Desprez, FD
Brigitte Devaux, FD
Pierre Devaux, FD
Paul Dhallewyn, FD
Hélène Dorchies, ITB
André Droulers, FD
Michel Dubus, FD
Philippe Dubus, FD
Arnaud Ducanchez, INRAE – UMR ITAP
Sylvie Ducournau, Geves
Amandine Dupont, FD
Audrey Dupont, Geves
Mélanie Durand, Geves
Sophie Durand, INRAE-Urgi
Mylène Durand-Tardif, GIS BV
Carolyne Dürr, INRAE-IRHS
Faustine Duyck, FD
Justine Flament, FD
Valérie Fortin-Dhellemmes, FD
Lothar Frese, Julius Kühn Institute
André Gallais, AgroParistech
Philippe Gate, Arvalis – Institut du végétal
Sandrine Germain, FD
Nathalie Gorretta, INRAE – UMR ITAP
Ellen Goudemand-Dugué, FD
Aurélia Gouleau, Geves
Mélanie Gravelines, FD
Claire Guerche, INRAE-Urgi
Sherif Hamdy, Geves
Karine Henry, FD
Nicolas Henry, FD
Céline Herbert, Geves
Ana Herrero, INRAE – UMR ITAP
Jean-Louis Hilbert, université de Lille
Christian Huyghe, INRAE – direction scientifique Agriculture
Sylvain Jay, INRAE – UMR ITAP
Mélanie Jubault, Agrocampus Ouest
José Karramkan, INRAE
Aminah Olivia Keliet, INRAE-Urgi
Jetta Keranen, Ayming
Erik Kimmel, INRAE-Urgi
Laurence Landais, Geves
Tania Langon, Ayming
Anne Laperche, Agrocampus Ouest
Gaël Laporte, Ayming
Vincent Laudinat, ITB
Valérie Laurent, FD
Laurence Le Corre, Geves
Joël Lechappé, Geves
Lydie Ledroit, INRAE-IRHS
David Lefebvre, FD
Damien Leroux, INRAE-LIPM
Sophie Lesaffre, FD
Ghislain Malatesta, ITB
Brigitte Mangin, INRAE-LIPM
Maria Manzanares-Dauleux, Agrocampus Ouest
Annie Masson, Agrocampus Ouest
Timothé Masson, WABCG
Fabienne Maupas, ITB
Mitchell Mc Grath, USDA-ARS
Dimitri Millon, FD
Nacer Mohellibi, INRAE-Urgi
Gwenaëlle Mortelette, FD
Martine Mortreux, FD
Daniel Moura, INRAE – UMR ITAP
Corinne Murez, FD
Claire Noël, FD
Lee Panella, USDA-ARS
Prune Pegot-Espagnet, INRAE-LIPM
Philippe Pelzer, entrepreneur en communication
Florence Phocas, INRAE, UMR Gabi
Franck Picquet, FD
Romain Piovan, GIS BV
Émilie Plus, FD
Gilles Rabatel, INRAE – UMR ITAP
Pejman Rasti, université d'Angers – Laris
Pierre Rayé, CGB
Guy Richard, INRAE, Depe
Anne Richard, ANR
Olivier Robert (†), FD
Jean-Michel Roger, INRAE – UMR ITAP
Julio Rojas-Varela, université d'Angers – Laris
Cindy Roseau, FD
David Rousseau, université d'Angers – Laris
Emmanuelle Simon, PIA
Christian Spiegeleer, SNFS
Nadège Spinnewyn, FD
Delphine Steinbach, INRAE-Urgi
Jean-Louis Striebig, CGB
Évelyne Tiers, FD
Ghassen Trigui, Geves
Rodolphe Vadaine, Geves
Daphné Verdelet, FD
Aurélien Vieillard, FD
Marie-Hélène Wagner, Geves
Robbie Waugh, The James Hutton Institute
Magdalena Wieraszka, ANR

Crédits photographiques

© Africa Studio, AdobeStock_144903680 : p. 125 (droite)
© Agrocampus Ouest : p. 132 (bas)
© Karine Boudart et Richard Soberka : p. 1, 26, 36, 80, 4e de couverture
© Cled'12 : p. 113, 119, 124, 126, 129, 131, 134, 139
© Cultures Sucre : p. 22 (bas)
© electra kay-smith, AdobeStock_140428532 : p. 23
© fascinadora, AdobeStock_264920015 : p. 125 (gauche)
© Florimond Desprez : p. 11, 12, 43, 88, 91, 116, 122 (gauche), 142
© FXD-SEDA : p. 79, 139
© Geves : p. 56, 57, 58, 59, 61, 62, 63
© Image'in, AdobeStock_245706420 : p. 112
© INRAE : p. 141
© Irstea : p. 69
© ITB : p. 68, 73, 75, 76, 122 (droite), 123, 137
© ITB-Alticlic : p. 10, 78
© ITB-Dorchies : p. 135 (haut)
© ITB-Malatesta : p. 93, 129 (bas)
© ITB-P. Montigny : p. 18, 19
© olgabondar, AdobeStock_222298325 : p. 114
© Philippe Pelzer : 2e de couverture, p. 25, 28, 46, 48, 50, 52, 57, 65, 67, 71, 74, 77, 82, 90, 92, 94, 95, 108, 127, 132 (haut), 135 (bas), 138, 140, 4e de couverture
© Richard Soberka : p. 6, 8, 22 (haut), 109 : 4e de couverture
© RMN – Grand Palais / René-Gabriel Ojéda : p. 11
© Stocksnapper, AdobeStock_2306955 : p. 110
© Université de Lille : p. 133
© USDA-ARS : p. 49

Coordination éditoriale : Philippe Pelzer
Coordination de l'édition : Anne-Lise Prodel
Édition : Mickaël Legrand / www.vivante-passerelle.net
Maquette, couverture et mise en page : Gwendolin Butter
Adaptation des figures : Clémence Cautain
Impression : SEPEC (France)
Dépôt légal : juin 2020





La betterave sucrière est entrée dans l'ère du libéralisme avec la suppression des quotas de production en Europe. Elle se retrouve de plain-pied sur le marché mondial en concurrence avec la canne à sucre.

La France a bénéficié du Programme d'investissements d'avenir « AKER – Betterave 2020, l'innovation compétitive », qui a pour ambition de doubler le rythme de croissance annuelle du rendement en sucre par hectare de la betterave.

Il constitue une rupture scientifique en allant rechercher toute la diversité génétique disponible au niveau mondial, et en pratiquant le génotypage avant le phénotypage. Il met au point du matériel génétique nouveau, disponible pour être introduit dans les futures variétés de betteraves. Il offre également des outils et des méthodes innovantes dans les domaines du génotypage et du phénotypage, accompagnant les acteurs de la filière – betteraviers et sucriers – dans leur impérative amélioration de la compétitivité.

Cet ouvrage s'adresse principalement aux scientifiques et aux professionnels, et à tous ceux que la recherche, le développement et la formation dans le registre du vivant intéressent. Il vient clôturer huit années de travaux pluridisciplinaires rassemblant une centaine de collaborateurs.

Le programme AKER positionne pour longtemps la betterave dans le peloton de tête des espèces cultivées et contribue à fournir au consommateur un sucre de qualité produit localement et dans des conditions respectueuses de l'environnement.

éditions Quæ
Éditions Cirad, Ifremer, Inrae
www.quae.com



Prix : 25 €
ISBN : 978-2-7592-3157-7


Réf. : 02735